

(12) NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES  
PATENTWESENS (PCT) VERÖFFENTLICHTE INTERNATIONALE ANMELDUNG

(19) Weltorganisation für geistiges Eigentum  
Internationales Büro



(43) Internationales Veröffentlichungsdatum  
7. März 2002 (07.03.2002)

PCT

(10) Internationale Veröffentlichungsnummer  
**WO 02/18632 A2**

(51) Internationale Patentklassifikation<sup>7</sup>:

**C12Q 1/68**

(21) Internationales Aktenzeichen:

PCT/EP01/10074

(22) Internationales Anmeldedatum:

1. September 2001 (01.09.2001)

(25) Einreichungssprache:

Deutsch

(26) Veröffentlichungssprache:

Deutsch

(30) Angaben zur Priorität:

100 43 826.1 1. September 2000 (01.09.2000) DE  
100 44 543.8 5. September 2000 (05.09.2000) DE

(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten mit Ausnahme von US): **EPIGENOMICS AG** [DE/DE]; Kastanienallee 24, 10435 Berlin (DE).

(72) Erfinder; und

(75) Erfinder/Anmelder (nur für US): **OLEK, Alexander** [DE/DE]; Schröderstrasse 13, 10115 Berlin (DE). **PIEPENBROCK, Christian** [DE/DE]; Schwartzkopffstrasse 7 B, 10115 Berlin (DE). **BERLIN, Kurt** [DE/DE]; Marienkäferweg 4, 14532 Stahnsdorf (DE). **GÜTIG, David** [DE/DE]; Kastanienallee 74, 10435 Berlin (DE).

(74) Anwalt: **SCHUBERT, Clemens**; Neue Promenade 5, 10178 Berlin-Mitte (DE).

(54) Title: METHOD FOR DETERMINING THE DEGREE OF METHYLATION OF DEFINED CYTOSINES IN GENOMIC DNA IN THE SEQUENCE CONTEXT 5'-CPG-3'

(54) Bezeichnung: VERFAHREN ZUR BESTIMMUNG DES METHYLIERUNGSGRADES VON BESTIMMTEN CYTOSINEN IN GENOMISCHER DNA IM SEQUENZKONTEXT 5'-CPG-3'

(57) Abstract: The invention relates to a method for detecting the degree of methylation of a defined cytosine in the sequence context 5'-CpG-3 of a genomic DNA sample. The first stage involves chemically treating the genomic DNA in such a way that the cytosine bases, but not the 5-methylcytosine bases, are converted into uracil. Parts of the genomic DNA containing the defined cytosine are then amplified. The amplified parts are given a detectable mark and the extent of the hybridisation of the amplified parts on the two classes of oligonucleotides is then determined by detecting the mark of the amplified parts. The degree of methylation of the defined cytosine in the genomic DNA sample can be deduced on the basis of the relationship between the marks detected on the two classes of oligonucleotides following the hybridisation.

(57) Zusammenfassung: Beschrieben wird ein Verfahren zur Detektion des Methylierungsgrades eines bestimmten Cytosins im Sequenzkontext 5'-CpG-3 einer genomischen DNA-Probe. Im ersten Schritt wird die genomische DNA chemisch behandelt, dass die Cytosinbasen in Uracil umgewandelt werden, nicht aber die 5-Methylcytosinbasen. Anschließend werden Teile der genomischen DNA amplifiziert, die das besagte bestimmte Cytosin enthalten, wobei die Amplifikate eine nachweisbare Markierung erhalten und in den folgenden Schritten wird das Ausmaß der Hybridisierung der Amplifikate an die zwei Klassen von Oligonukleotiden durch Detektion der Markierung der Amplifikate bestimmt und aus dem Verhältnis der an den zwei Klassen von Oligonukleotiden in Folge der Hybridisierung detektierten Markierungen auf den Methylierungsgrad besagten bestimmten Cytosins in der genomischen DNA-Probe geschlossen.

**WO 02/18632 A2**

**Verfahren zur Bestimmung des Methylierungsgrades  
von bestimmten Cytosinen in genomischer DNA  
im Sequenzkontext 5'-CpG-3'**

5

Die Erfindung betrifft ein Verfahren zur Detektion des Methylierungsgrades eines bestimmten Cytosins im Sequenzkontext 5'-CpG-3' einer genomischen DNA-Probe.

10 Die nach den methodischen Entwicklungen der letzten Jahre in der Molekularbiologie gut studierten Beobachtungsebenen sind die Gene selbst, die Übersetzung dieser Gene in RNA und die daraus entstehenden Proteine. Wann im Laufe der Entwicklung eines Individuums welches 15 Gen angeschaltet wird und wie Aktivieren und Inhibieren bestimmter Gene in bestimmten Zellen und Geweben gesteuert wird, ist mit Ausmaß und Charakter der Methylierung der Gene bzw. des Genoms korrelierbar. Insofern äußern sich pathogene Zustände in einem 20 veränderten Methylierungsmuster einzelner Gene oder des Genoms.

Die vorliegende Erfindung beschreibt ein Verfahren, mit dem viele Cytosinbasen in einer gegebenen DNA-Probe 25 gleichzeitig auf das Vorliegen einer Methylgruppe an der Position 5 mittels Hybridisierung untersucht werden können. Sie beschreibt weiterhin Nukleinsäuren, Oligonukleotide und PNA-Oligomere welche nützlich sind um das Verfahren zur Diagnose von bestehenden Erkrankungen 30 oder der Prädisposition für Erkrankungen einzusetzen.

5-Methylcytosin ist die häufigste kovalent modifizierte Base in der DNA eukaryotischer Zellen. Sie spielt beispielsweise eine Rolle in der Regulation der 35 Transkription, beim genetischen Imprinting und in der

Tumorgenese. Die Identifizierung von 5-Methylcytosin als Bestandteil genetischer Information ist daher von erheblichem Interesse. 5-Methylcytosin-Positionen können jedoch nicht durch Sequenzierung identifiziert werden, da

5 5-Methylcytosin das gleiche Basenpaarungsverhalten aufweist wie Cytosin. Darüber hinaus geht bei einer PCR-Amplifikation die epigenetische Information, welche die 5-Methylcytosine tragen, vollständig verloren.

10 Die Methylierung von CpG Inseln wird oft mit Transkriptionsinaktivität gleichgesetzt. Obwohl es eindeutige Beweise dafür gibt, dass die CpG Inseln in den Promotoren der Gene zu finden sind, sind nicht alle CpG Inseln und Methylierungsstellen in bekannten Promotoren

15 lokalisiert. Bei verschiedenen gewebsspezifischen und „imprinting“ Genen sind die CpG Inseln in beträchtlichen Entfernungen stromabwärts des Transkriptionsstarts lokalisiert, zusätzlich besitzen viele Gene multiple Promotoren. Für eine Vielzahl von Erkrankungen wurde

20 Methylierung von CpG Dinukleotiden als ursächlich nachgewiesen. Im Gegensatz zu klassischen Mutationen, handelt es sich bei der DNA-Methylierung um einen Mechanismus, der eine Basensubstitution beschreibt, ohne die codierende Funktion eines Gens zu verändern. Dieses

25 Wechselspiel zwischen epigenetischer Modifikation und klassischen Mutationen spielt eine wichtige Rolle in der Tumorgenese. Beispielsweise sind fokale Hypermethylierung und generalisierte genomische Demethylierung Merkmale vieler verschiedener Tumortypen. Es wird angenommen, dass

30 die Tumorgenese und die Tumorprogression zum einen durch Hypermethylierung induzierter Mutationsereignisse und zum anderen durch das Abschalten von Genen, welche die zelluläre Proliferation und/oder die induzierte Reaktivierung von Genen über Demethylierung

35 kontrollieren, die nur für die embryologische Entwicklung gebraucht werden, verursacht werden.

Bei dem vererbaren non-polyposis Colorektalkrebs beruht z. B. der Hauptteil der mutationsnegativen Dickdarmkrebs Fälle eher auf der Hypermethylierung des hMLH1 Promotors

5 und der anschließenden Nicht-Expression von hMLH1, ein Reparaturgen für Fehlpaarungen (Bevilacqua RA, Simpson AJ. Methylation of the hMLH1 promoter but no hMLH1 mutations in sporadic gastric carcinomas with high-level microsatellite instability. *Int J Cancer.* 2000 Jul 10 15;87(2):200-3.). Bei der Pathogenese von Lungenkrebs ist der Verlust der Expression mit der Methylierung von CpG Inseln in der Promotor Sequenz eines RAS Effektor-Homologs korreliert. (Dammann R, Li C, Yoon JH, Chin PL, Bates S, Pfeifer GP, Nucleotide. Epigenetic inactivation 15 of a RAS association domain family protein from the lung tumour suppressor locus3p21.3. *Nat Genet.* 2000 Jul;25(3):315-9). Eine epigenetische Inaktivierung des LKB1 Tumorsupressorgens, welche die Hypermethylierung des Promotors mit einschließt, ist mit dem Peutz-Jeghers 20 Syndrom assoziiert (Esteller M, Avizienyte E, Corn PG, Lothe RA, Baylin SB, Aaltonen LA, Herman JG, Epigenetic inactivation of LKB1 in primary tumors associated with the Peutz-Jeghers syndrome. *Oncogene.* 2000 Jan 6;19(1):164-8).

25 Eine Vielzahl von Erkrankungen, die mit Methylierung assoziiert sind, weisen in ihrer Ätiologie eine enge Verbindung zu den Tumorsupressorgenen p16 oder p15 Gene auf. So wird eine Beziehung zwischen Mycoso fungoides und 30 der Hypermethylierung des p16(INK4a) Gens angenommen (Navas IC, Ortiz-Romero PL, Villuendas R, Martinez P, Garcia C, Gomez E, Rodriguez JL, Garcia D, Vanaclocha F, Iglesias L, Piris MA, Algara P, p16(INK4a) gene alterations are frequent in lesions of mycosis fungoides.

35 *Am J Pathol.* 2000 May; 156(5):1565-72). Auch wird von

einer starken Korrelation zwischen dem Abschalten der Transkription des p16 Gens bei dem gastrischen Karzinom und der de novo Methylierung einiger weniger spezifischer CpG Stellen ausgegangen (Song SH, Jong HS, Choi HH, Kang 5 SH, Ryu MH, Kim NK, Kim WH, Bang YJ, Methylation of specific CpG sites in the promoter region could significantly down-regulate p16(INK4a) expression in gastric adenocarcinoma. *Int J Cancer.* 2000 Jul 15;87(2):236-40). Die Pathogenese des Cholangiokarzinoms, 10 welches mit der primär sklerosierenden Cholangitis assoziiert ist, wird mit der Inaktivierung des p16 Tumorsuppressorgens, welches wiederum von der Methylierung des p16 Promotors abhängig ist, in Zusammenhang gebracht (Ahrendt SA, Eisenberger CF, Yip L, Rashid A, Chow JT, 15 Pitt HA, Sidransky D, Chromosome 9p21 loss and p16 inactivation in primary sclerosing cholangitis-associated cholangiocarcinoma. *J Surg Res.* 1999 Jun 1;84(1):88-93). Bei der Leukämogenese und beim Fortschreiten der akuten lymphatischen Leukämie spielt die Inaktivierung des p16 20 Gens durch Hypermethylierung eine Rolle (Nakamura M, Sugita K, Inukai T, Goi K, Iijima K, Tezuka T, Kojika S, Shiraishi K, Miyamoto N, Karakida N, Kagami K, O-Koyama T, Mori T, Nakazawa S, p16/MTS1/INK4A gene is frequently inactivated by hypermethylation in childhood acute 25 lymphoblastic leukemia with 11q23 translocation. *Leukemia.* 1999 Jun;13(6):884-90). Weiterhin wird postuliert, dass die Hypermethylierung der p16 und p15 Gene eine entscheidende Rolle bei der Tumorgenese des multiplen Myeloms spielt (Ng MH, Wong IH, Lo KW, DNA 30 methylation changes and multiple myeloma. *Leuk Lymphoma.* 1999 Aug;34(5-6):463-72). An der Prädisposition des Nierenkarzinoms scheint das durch Methylierung

inaktivierte VHL-Gen beteiligt zu sein (Glavac D, Ravnik-Glavac M, Ovcak Z, Masera A, Genetic changes in the origin and development of renal cell carcinoma (RCC). Pflugers Arch. 1996;431(6 Suppl 2):R193-4). Eine 5 abweichende Methylierung der 5' CpG Insel ist möglicherweise an der Transkriptionsinaktivierung des p16 Gens bei dem nasopharyngealen Karzinom beteiligt (Lo KW, Cheung ST, Leung SF, van Hasselt A, Tsang YS, Mak KF, Chung YF, Woo JK, Lee JC, Huang DP, Hypermethylation of 10 the p16 gene in nasopharyngeal carcinoma. Cancer Res. 1996 Jun 15;56(12):2721-5). Bei dem Leberzellenkarzinom wurde eine Inaktivierung des p16 Proteins nachgewiesen. Promotor Hypermethylierung und homozygote Deletionen gehören hier zu den häufigen Mechanismen (Jin M, Piao Z, 15 Kim NG, Park C, Shin EC, Park JH, Jung HJ, Kim CG, Kim H, p16 is a major inactivation target in hepatocellular carcinoma. Cancer. 2000 Jul 1;89(1):60-8). DNA-Methylierung als Kontrolle der Genexpression wurde für das BRCA1 Gen für Brustkrebs nachgewiesen (Magdinier F, 20 Billard LM, Wittmann G, Frappart L, Benchaib M, Lenoir GM, Guerin JF, Dante R Regional methylation of the 5' end CpG island of BRCA1 is associated with reduced gene expression in human somatic cells FASEB J. 2000 Aug;14(11):1585-94). Eine Korrelation zwischen 25 Methylierung und Non-Hodgkin's Lymphom wird ebenfalls angenommen (Martinez-Delgado B, Richart A, Garcia MJ, Robledo M, Osorio A, Cebrian A, Rivas C, Benitez J, Hypermethylation of P16ink4a and P15ink4b genes as a marker of disease in the follow-up of non-Hodgkin's 30 lymphomas. Br J Haematol. 2000 Apr;109(1):97-103).

CpG-Methylierung ruft auch das Fortschreiten der T-Zell Leukämie hervor, die in Zusammenhang mit der verminderten Expression des CDKN2A Gens steht (Nosaka K, Maeda M, Tamiya S, Sakai T, Mitsuya H, Matsuoka M, Increasing 5 methylation of the CDKN2A gene is associated with the progression of adult T-cell leukemia. Cancer Res. 2000 Feb 15;60(4):1043-8). Bei Blasenkrebs wurde eine erhöhte Methylierung der CpG-Inseln festgestellt (Salem C, Liang G, Tsai YC, Coulter J, Knowles MA, Feng AC, Groshen S, 10 Nichols PW, Jones PA, Progressive increases in de novo methylation of CpG islands in bladder cancer. Cancer Res. 2000 May 1;60(9):2473-6). Die Transkriptionsinaktivierung von Plattenepithelkarzinomen der Speiseröhre wird in Verbindung mit der Methylierung des FHIT Gens gebracht, 15 das mit dem Fortschreiten der Erkrankung assoziiert ist (Shimada Y, Sato F, Watanabe G, Yamasaki S, Kato M, Maeda M, Imamura M, Loss of fragile histidine triad gene expression is associated with progression of esophageal squamous cell carcinoma, but not with the patient's 20 prognosis and smoking history. Cancer. 2000 Jul 1;89(1):5-11). Die Neutral Endopeptidase 24.11 (NEP) inaktiviert das Wachstum von Neuropeptiden, die an dem Wachstum des Androgen unabhängigen Prostatakrebs 25 beteiligt sind. Ein Verlust der NEP Expression durch Hypermethylierung des NEP-Promotors trägt möglicherweise zu der Entwicklung des Neuropeptid stimulierten Androgen unabhängigen Prostatakrebses bei (Usmani BA, Shen R, Janeczko M, Papandreou CN, Lee WH, Nelson WG, Nelson JB, Nanus DM, Methylation of the neutral endopeptidase gene 30 promoter in human prostate cancers. Clin Cancer Res. 2000 May;6(5):1664-70). Der adrenokortikale Tumor bei Erwachsenen weist strukturelle Abnormalitäten bei Tumor-

DNA auf. Diese Abnormalitäten beinhalten unter anderem eine Überexpression des IGF2 Gens in Korrelation mit einer Demethylierung der DNA an diesem Locus (Wilkin F, Gagne N, Paquette J, Oaligny LL, Deal C, *Pediatric* 5 *adrenocortical tumors: molecular events leading to insulin-like growth factor II gene overexpression. J Clin Endocrinol Metab.* 2000 May;85(5):2048-56. Review). Es wird angenommen, dass bei dem Retinoblastomgen DNA-Methylierungen in mehreren Exons an der Erkrankung 10 beteiligt sind (Mancini D, Singh S, Ainsworth P, Rodenhiser D, *Constitutively methylated CpG dinucleotides as mutation hot spots in the retinoblastoma gene (RB1). Am J Hum Genet.* 1997 Jul;61(1):80-7). Bei chronischer myeloischer Leukämie wird ein Zusammenhang zwischen der 15 *Deregulation des p53 Gens und einer Veränderung des Methylierungsmusters mit der Progression der Erkrankung vermutet (Guinn BA, Mills KI, p53 mutations, methylation and genomic instability in the progression of chronic myeloid leukaemia. Leuk Lymphoma.* 1997 Jul;26(3-4):211-26). Auch für die akute myeloische Leukämie wurde ein 20 *Zusammenhang mit Methylierung nachgewiesen (Melki JR, Vincent PC, Clark SJ. Concurrent DNA hypermethylation of multiple genes in acute myeloid leukemia. Cancer Res.* 1999 Aug 1;59(15):3730-40). Es wurde eine 25 *tumorspezifische Methylierungsstelle in dem Supressorgen für den Wilms Tumor identifiziert (Kleymenova EV, Yuan X, LaBate ME, Walker CL, Identification of a tumor-specific methylation site in the Wilms tumor suppressor gene. Oncogene.* 1998 Feb 12;16(6):713-20). Bei dem Burkitt 30 *Lymphom weisen einige Promotoren eine vollständige CpG-Methylierung auf (Tao Q, Robertson KD, Manns A, Hildesheim A, Ambinder RF, Epstein-Barr virus (EBV) in*

endemic Burkitt's lymphoma: molecular analysis of primary tumor tissue. *Blood*. 1998 Feb 15;91(4):1373-81). Es wird angenommen, dass bei dem Schilddrüsenkarzinom die DNA-Methylierung eine Rolle spielt (Venkataraman GM, Yatin M,

5 Marcinek R, Ain KB, Restoration of iodide uptake in dedifferentiated thyroid carcinoma: relationship to human Na<sup>+</sup>/I-symporter gene methylation status. *J Clin Endocrinol Metab*. 1999 Jul;84(7):2449-57).

10 Nicht nur viele Krebserkrankungen sind mit Methylierung assoziiert, auch viele nicht Krebserkrankungen werden mit Methylierung in Zusammenhang gebracht. So weisen Untersuchungen zur entzündlichen Arthritis darauf hin, dass diese Erkrankung mit einer Untermethylierung

15 genetischer DNA assoziiert ist (Kim YI, Logan JW, Mason JB, Roubenoff R, DNA hypomethylation in inflammatory arthritis: reversal with methotrexate. *J Lab Clin Med*. 1996 Aug;128(2):165-72). Für das ICF-Syndrom wurde eine Methylierungs regulierte Expression nachgewiesen (Kondo

20 T, Bobek MP, Kuick R, Lamb B, Zhu X, Narayan A, Bourc'his D, Viegas-Pequignot E, Ehrlich M, Hanash SM, Whole-genome methylation scan in ICF syndrome: hypomethylation of non-satellite DNA repeats D4Z4 and NBL2). Die Beteiligung von Methylierung an systemischem Lupus erythematosus wird

25 vermutet (Vallin H, Perers A, Alm GV, Ronnblom L, Anti-double-stranded DNA antibodies and immunostimulatory plasmid DNA in combination mimic the endogenous IFN-alpha inducer in systemic lupus erythematosus. *J Immunol*. 1999 Dec;163(11):6306-13); ebenso ein Zusammenhang zwischen

30 der Muskeldystrophy Duchenne und einer CpG reichen Insel (Banerjee S, Singh PB, Rasberry C, Cattanach BM, Embryonic inheritance of the chromatin organisation of

the imprinted H19 domain in mouse spermatozoa. *Mech Dev.* 2000 Feb;90(2):217-26; Burmeister M, Lehrach H, Long-range restriction map around the Duchenne muscular dystrophy gene. *Nature.* 1986 Dec 11-17;324(6097):582-5).

5 Ein epigenetischer Effekt, der an der Untermethylierung des Amyloid Precursor Proteins, beteiligt ist, welches mit der Ausbildung der Erkrankung in Zusammenhang steht, wird bei der Alzheimer Erkrankung vermutet (West RL, Lee JM, Maroun LE, Hypomethylation of the amyloid precursor protein gene in the brain of an Alzheimer's disease patient. *J Mol Neurosci.* 1995;6(2):141-6). Auch auf chromosomaler Ebene spielt der Methylierungsstatus eine wichtige Rolle. Beispielsweise wird bei mentalen Retardierungssyndromen, die mit der Fragilität des X-

10 15 Chromosoms gekoppelt sind, der Grad der Chromosomenbrüchigkeit durch die Methylierung bestimmt (de Muniaín AL, Cobo AM, Poza JJ, Saenz A, [Diseases due to instability of DNA]. *Neurologia.* 1995 Dec;10 Suppl 1:12-9).

20 Eine relativ neue und die mittlerweile am häufigsten angewandte Methode zur Untersuchung von DNA auf 5-Methylcytosin beruht auf der spezifischen Reaktion von Bisulfit mit Cytosin, das nach anschließender alkalischer Hydrolyse in Uracil umgewandelt wird, welches in seinem Basenpaarungsverhalten dem Thymidin entspricht. 5-Methylcytosin wird dagegen unter diesen Bedingungen nicht modifiziert. Damit wird die ursprüngliche DNA so umgewandelt, dass Methylcytosin, welches ursprünglich durch sein Hybridisierungsverhalten vom Cytosin nicht unterschieden werden kann, jetzt durch „normale“ molekularbiologische Techniken als einzig verbliebenes Cytosin beispielsweise durch Amplifikation und

Hybridisierung oder Sequenzierung nachgewiesen werden kann. Alle diese Techniken beruhen auf Basenpaarung, welche jetzt voll ausgenutzt wird. Der Stand der Technik, was die Empfindlichkeit betrifft, wird durch ein

5 5 Verfahren definiert, welches die zu untersuchende DNA in einer Agarose-Matrix einschließt, dadurch die Diffusion und Renaturierung der DNA (Bisulfit reagiert nur an einzelsträngiger DNA) verhindert und alle Fällungs- und Reinigungsschritte durch schnelle Dialyse ersetzt (Olek,

10 10 A. et al., Nucl. Acids. Res. 1996, 24, 5064-5066). Mit dieser Methode können einzelne Zellen untersucht werden, was das Potential der Methode veranschaulicht. Allerdings werden bisher nur einzelne Regionen bis etwa 3000 Basenpaare Länge untersucht, eine globale Untersuchung

15 15 von Zellen auf Tausenden von möglichen Methylierungsanalysen ist nicht möglich. Allerdings kann auch dieses Verfahren keine sehr kleinen Fragmente aus geringen Probenmengen zuverlässig analysieren. Diese gehen trotz Diffusionsschutz durch die Matrix verloren.

20 20 Eine Übersicht über die weiteren bekannten Möglichkeiten, 5-Methylcytosine nachzuweisen, kann aus dem folgenden Übersichtsartikel entnommen werden: Rein, T., DePamphilis, M. L., Zorbas, H., Nucleic Acids Res. 1998, 26, 2255.

25 25 Die Bisulfit-Technik wird bisher bis auf wenige Ausnahmen (z. B. Zechnick, M. et al., Eur. J. Hum. Gen. 1997, 5, 94-98) nur in der Forschung angewendet. Immer aber werden kurze, spezifische Stücke eines bekannten Gens nach einer Bisulfit-Behandlung amplifiziert und entweder komplett sequenziert (Olek, A. und Walter, J., Nat. Genet. 1997, 17, 275-276) oder einzelne Cytosin-Positionen durch eine „Primer-Extension-Reaktion“ (Gonzalgo, M. L. und Jones, P. A., Nucl. Acids Res. 1997, 25, 2529-2531, WO-Patent 9500669) oder einen Enzymschnitt (Xiong, Z. und Laird, P.

W., Nucl. Acids. Res. 1997, 25, 2532-2534) nachgewiesen. Zudem ist auch der Nachweis durch Hybridisierung beschrieben worden (Olek et al., WO-A 99/28498).

5 Weitere Publikationen, die sich mit der Anwendung der Bisulfit-Technik zum Methylierungsnachweis bei einzelnen Genen befassen, sind: Xiong, Z. und Laird, P. W. (1997), Nucl. Acids Res. 25, 2532; Gonzalgo, M. L. und Jones, P. A. (1997), Nucl. Acids Res. 25, 2529; Grigg, S. und

10 Clark, S. (1994), Bioassays 16, 431; Zeschnik, M. et al. (1997), Human Molecular Genetics 6, 387; Teil, R. et al. (1994), Nucl. Acids Res. 22, 695; Martin, V. et al. (1995), Gene 157, 261; WO-A 97/46705, WO-A 95/15373 und WO-A 95/45560.

15

Eine Übersicht über den Stand der Technik in der Oligomer Array Herstellung lässt sich aus einer im Januar 1999 erschienenen Sonderausgabe von Nature Genetics (Nature Genetics Supplement, Volume 21, January 1999) und der

20 dort zitierten Literatur entnehmen.

Für die Abtastung eines immobilisierten DNA-Arrays sind vielfach fluoreszenzmarkierte Sonden verwendet worden. Besonders geeignet für Fluoreszenzmarkierungen ist das

25 einfache Anbringen von Cy3 und Cy5 Farbstoffen am 5'-OH der jeweiligen Sonde. Die Detektion der Fluoreszenz der hybridisierten Sonden erfolgt beispielsweise über ein Konfokalmikroskop. Die Farbstoffe Cy3 und Cy5 sind, neben vielen anderen, kommerziell erhältlich.

30

Matrix-assistierte Laser Desorptions/Ionisations-Massenspektrometrie (MALDI-TOF) ist eine sehr leistungsfähige Entwicklung für die Analyse von Biomolekülen (Karas, M. und Hillenkamp, F. (1988), Laser desorption ionization of proteins with molecular masses exceeding 10000 daltons. Anal. Chem. 60: 2299-2301). Ein

Analyt wird in eine lichtabsorbierende Matrix eingebettet. Durch einen kurzen Laserpuls wird die Matrix verdampft und das Analytmolekül so unfragmentiert in die Gasphase befördert. Durch Stöße mit Matrixmolekülen wird

5 die Ionisation des Analyten erreicht. Eine angelegte Spannung beschleunigt die Ionen in ein feldfreies Flugrohr. Auf Grund ihrer verschiedenen Massen werden Ionen unterschiedlich stark beschleunigt. Kleinere Ionen erreichen den Detektor früher als größere.

10 MALDI-TOF Spektrometrie eignet sich ausgezeichnet zur Analyse von Peptiden und Proteinen. Die Analyse von Nukleinsäuren ist etwas schwieriger (Gut, I. G. und Beck, S. (1995)), DNA and Matrix Assisted Laser Desorption

15 Ionization Mass Spectrometry. Molecular Biology: Current Innovations and Future Trends 1: 147-157.) Für Nukleinsäuren ist die Empfindlichkeit etwa 100 mal schlechter als für Peptide und nimmt mit zunehmender Fragmentgröße überproportional ab. Für Nukleinsäuren, die

20 ein vielfach negativ geladenes Rückgrat haben, ist der Ionisationsprozeß durch die Matrix wesentlich ineffizienter. In der MALDI-TOF Spektrometrie spielt die Wahl der Matrix eine eminent wichtige Rolle. Für die Desorption von Peptiden sind einige sehr leistungsfähige

25 Matrices gefunden worden, die eine sehr feine Kristallisation ergeben. Für DNA gibt es zwar mittlererweile einige ansprechende Matrices, jedoch wurde dadurch der Empfindlichkeitsunterschied nicht verringert. Der Empfindlichkeitsunterschied kann verringert werden,

30 indem die DNA chemisch so modifiziert wird, dass sie einem Peptid ähnlicher wird.

Phosphorothioatnukleinsäuren, bei denen die gewöhnlichen Phosphate des Rückgrats durch Thiophosphate substituiert sind, lassen sich durch einfache Alkylierungsschemie in

35 eine ladungsneutrale DNA umwandeln (Gut, I. G. und Beck, S. (1995), A procedure for selective DNA alkylation and

detection by mass spectrometry. *Nucleic Acids Res.* 23: 1367-1373). Die Kopplung eines „charge tags“ an diese modifizierte DNA resultiert in der Steigerung der Empfindlichkeit um den gleichen Betrag, wie er für 5 Peptide gefunden wird. Ein weiterer Vorteil von „charge tagging“ ist die erhöhte Stabilität der Analyse gegen Verunreinigungen, die den Nachweis unmodifizierter Substrate stark erschweren.

10 Genomische DNA wird durch Standardmethoden aus DNA von Zell-, Gewebe- oder sonstigen Versuchsproben gewonnen. Diese Standardmethodik findet sich in Referenzen wie Fritsch und Maniatis eds., *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*, 1989.

15 Die vorliegende Erfindung soll ein besonders effizientes und zuverlässiges Verfahren bereitstellen, das es erlaubt, viele Cytosinbasen in einer gegebenen DNA-Probe gleichzeitig auf das Vorliegen einer Methylgruppe an der 20 Position 5 mittels Hybridisierung zu untersuchen. Dazu werden zudem Oligonukleotide und PNA-Oligomere bereitgestellt, welche für die Verwendung des Verfahrens zur Diagnose von bestehenden Erkrankungen und der Prädisposition für Erkrankungen durch Analyse eines 25 Satzes genetischer und/oder epigenetischer Parameter besonders geeignet sind.

Genetische Parameter im Sinne dieser Erfindung sind Mutationen und Polymorphismen der beanspruchten 30 Nukleinsäuren (Seq. ID 1 bis Seq. ID 40712) und zu ihrer Regulation weiterhin erforderliche Sequenzen. Insbesondere sind als Mutationen Insertionen, Deletionen, Punktmutationen, Inversionen und Polymorphismen und besonders bevorzugt SNPs (Single 35 Nucleotide Polymorphisms) zu bezeichnen. Polymorphismen

können aber ebenso Insertionen, Deletionen oder Inversionen sein.

Epigenetische Parameter im Sinne dieser Erfindung sind

5 insbesondere Cytosin-Methylierungen und weitere chemische Modifikationen von DNA-Basen der beanspruchten Nukleinsäuren (Seq. ID 1 bis Seq. ID 40712) und zu ihrer Regulation weiterhin erforderliche Sequenzen. Weitere epigenetische Parameter sind beispielsweise die

10 Acetylierung von Histonen, die jedoch mit dem beschriebenen Verfahren nicht direkt analysiert werden kann, sondern wiederum mit der DNA-Methylierung korreliert.

15 Das vorliegende Verfahren dient zur Detektion des Methylierungsgrades mindestens eines bestimmten Cytosins im Sequenzkontext 5'-CpG-3' einer genomischen DNA-Probe. Besonders bevorzugt wird das Verfahren zur gleichzeitigen Detektion vieler verschiedener

20 Methylierungspositionen verwendet.

Die Aufgabe wird erfindungsgemäß durch ein Verfahren zur Detektion des Methylierungsgrades eines bestimmten Cytosins im Sequenzkontext 5'-CpG-3' einer genomischen DNA-Probe gelöst, welches dadurch gekennzeichnet ist, dass

25 a) man die genomische DNA behandelt, wobei man die Cytosinbasen in Uracil umwandelt, nicht aber die 5-Methylcytosinbasen;

30 b) man Teile der genomischen DNA amplifiziert, die das besagte bestimmte Cytosin enthalten, wobei die Amplifikate eine nachweisbare Markierung erhalten;

c) man die Amplifikate an zwei Klassen von

Oligonukleotiden und/oder PNA-Oligomeren mit jeweils mindestens einem Mitglied hybridisiert;

5 d) man das Ausmaß der Hybridisierung der Amplifikate an die zwei Klassen von Oligonukleotiden durch Detektion der Markierung der Amplifikate bestimmt;

10 e) man aus dem Verhältnis der an den zwei Klassen von Oligonukleotiden in Folge der Hybridisierung detektierten Markierungen auf den Methylierungsgrad besagten bestimmten Cytosins in der genomischen DNA-Probe schliesst.

Besonders bevorzugt ist dabei ein Verfahren, bei dem man in Schritt c) eine Hybridisierung der Amplifikate an zwei Klassen von Oligomeren (Oligonukleotiden und/oder PNA-Oligomeren) mit jeweils mindestens einem Mitglied durchführt, wobei die Oligomere der ersten Klasse bevorzugt an die Sequenz hybridisieren, welche aus der chemischen Behandlung der genomischen DNA hervorgeht, wenn das besagte bestimmte Cytosin in der genomischen DNA 15 methyliert vorläge und wobei die Oligomere der zweiten Klasse bevorzugt an die Sequenz hybridisieren, welche aus der chemischen Behandlung der genomischen DNA hervorgeht, wenn das besagte bestimmte Cytosin in der genomischen DNA unmethyliert vorläge. Eine dieser zwei Klassen von 20 Oligomeren koennen beispielsweise durch Oligonukleotide, die ein CG in der Mitte enthalten gebildet werden und die andere Klasse durch Oligonukleotide, welche in der Mitte ein TG (oder ein CA, im Gegenstrang) aufweisen. Die restlichen Teile der Oligomersequenzen sollten zwischen 25 25 beiden Klassen bevorzugt übereinstimmen. In diesem Fall würden Oligonukleotide der ersten Klasse an die Sequenz (um das zu untersuchende bestimmte Cytosin) hybridisieren, wie sie nach Bisulfit Umsetzung in methylierten Fall vorläge, umgekehrt würden die der zweiten Klasse an die Sequenz hybridisieren, wie sie nach 30 35 Bisulfit Umsetzung in unmethylierten Fall vorläge.

Besonders bevorzugt ist auch ein Verfahren, bei dem man in Schritt c) eine Hybridisierung der Amplifikate an zwei Klassen von Oligomeren (Oligonukleotiden und/oder PNA-Oligomeren) mit jeweils mindestens einem Mitglied durchführt, wobei die Oligomere der ersten Klasse bevorzugt an die Sequenz hybridisieren, welche aus der chemischen Behandlung der genomischen DNA hervorgeht, wenn das besagte bestimmte Cytosin in der genomischen DNA 5 methyliert vorläge und weniger bevorzugt an die Sequenz, welche aus der chemischen Behandlung der genomischen DNA hervorgeht, wenn das besagte bestimmte Cytosin in der genomischen DNA unmethyliert vorläge und wobei die Oligomere der zweiten Klasse an das zu untersuchende 10 Amplifikat im wesentlichen unabhängig von dem Methylierungsgrad besagten bestimmten Cytosins in der genomischen DNA hybridisieren.

Entsprechend ist auch ein Verfahren bevorzugt, bei dem man in Schritt c) eine Hybridisierung der Amplifikate an zwei Klassen von Oligomeren (Oligonukleotiden und/oder PNA-Oligomeren) mit jeweils mindestens einem Mitglied erfolgt, wobei die Oligomere der ersten Klasse bevorzugt an die Sequenz hybridisieren, welche aus der chemischen Behandlung der genomischen DNA hervorgeht, wenn das besagte bestimmte Cytosin in der genomischen DNA unmethyliert vorläge und weniger bevorzugt an die Sequenz, welche aus der chemischen Behandlung der genomischen DNA hervorgeht, wenn das besagte bestimmte 20 Cytosin in der genomischen DNA methyliert vorläge und wobei die Oligomere der zweiten Klasse an das zu untersuchende Amplifikat im wesentlichen unabhängig von dem Methylierungsgrad besagten bestimmten Cytosins in der genomischen DNA hybridisieren.

In diesen Fällen hybridisiert also die zweite Klasse von Oligomeren an das Amplifikat, ohne dass sich eine wesentliche Methylierungsspezifität ergibt, demnach also bevorzugt an eine Position des Amplifikates die keinen 5 methylierbaren Cytosin Positionen entspricht. Damit wird letztlich nur die Konzentration des Amplifikates über die Intensität der Hybridisierung bestimmt. Relativ dazu erfolgt die Hybridisierung an die erste Klasse von Oligonukleotiden in Abhängigkeit von dem 10 Methylierungsgrad der zu untersuchenden bestimmten Cytosins.

Bevorzugt ist es, dass man das Verfahren nicht nur mit der genomischen DNA-Probe durchführt, sondern sinngemäß 15 auch mit bekanntermaßen an der Position des besagten bestimmten Cytosins methyliert oder aber unmethyliert vorliegender Standard-DNA, wobei die jeweils mit der unmethylierten Standard DNA gemessenen Verhältnisse der an den beiden Klassen von Oligonukleotiden detektierten 20 Markierungen als Eichwert für einen Methylierungsgrad von 0 und entsprechend die jeweils mit der methylierten Standard DNA gemäss gemessenen Verhältnisse der an den beiden Klassen von Oligonukleotiden detektierten Markierungen als Eichwert für einen Methylierungsgrad von 25 1 dienen und man diese Eichwerte für die Bestimmung des Methylierungsgrades der genomischen Proben-DNA einsetzt.

Besonders bevorzugt ist es, dass man weitere bekannte Standard DNA-Proben zur Eichung verwendet, die jeweils 30 einen beliebigen bekannten Methylierungsgrad des besagten bestimmten Cytosins aufweisen.

Die verwendeten Standard DNA-Proben und die Probe (das aus einer genomischen DNA hergestellte Amplifikat) sind 35 bevorzugt jeweils unterschiedlich markiert. Die

verwendeten Standard DNA Proben sind jeweils wiederum bevorzugt unterschiedlich markiert.

Besonders bevorzugt ist auch ein Verfahren, bei dem man

5 Amplikate, hervorgegangen aus verschiedenen genomischen DNA-Proben, mit unterschiedlichen Markierungen versieht. In diesem Fall ist es möglich, mit einem Satz von Oligonukleotiden der beiden Klassen gleichzeitig verschiedene Proben zu messen, sei es beispielsweise auf

10 einem Oligomer Array, welcher Oligonukleotide der beiden Klassen enthält.

Besonders bevorzugt ist auch ein Verfahren, bei dem man

Amplikate, hervorgegangen aus derselben genomischen

15 DNA-Proben, mit unterschiedlichen Markierungen versieht, um über eine Mittelung der aus verschiedenen Detektionsverfahren erhaltenen Werte eine Erhöhung der Messgenauigkeit zu erreichen. Dies kann beispielsweise durch Markierungen mit unterschiedlichen

20 Fluoreszenzfarbstoffen erfolgen. Die Messung erfolgt in diesem Fall mittels eines Fluoreszenzscanners, welcher über mehrere Kanäle zur Messung der individuellen Emissionswellenlängen der Fluoreszenzfarbstoffe verfügt.

25 Besonders bevorzugt ist demnach auch ein Verfahren, bei dem die Markierungen Fluoreszenzmarkierungen sind.

Bevorzugt ist es erfindungsgemäß ferner, dass besagte Markierung eine Fluoreszenzmarkierung ist. Dabei ist

30 bevorzugt, dass man besagte Markierung durch Chemilumineszenz, ihre UV-Absorption oder Fluoreszenzpolarisation nachweist.

Ganz besonders ist es erfindungsgemäß bevorzugt, dass man

35 die Behandlung der DNA in Schritt a) mit einer Lösung eines Bisulfits (=Hydrogensulfit, Disulfit) durchführt.

Besonders bevorzugt ist auch ein Verfahren, bei dem man für die Amplifikation Oligonukleotide verwendet, die einen mindestens 18 Basen langen Sequenzabschnitt einer 5 chemisch vorbehandelten DNA gemäß einer der Seq. ID 1 bis Seq. ID 40712 umfassen. Damit wird sichergestellt, dass man zu bisulfit behandelter DNA komplementäre Primer verwendet, welche in der Lage sind, regulatorische Regionen (CpG inseln) zu amplifizieren, welche dann 10 nachfolgend hinsichtlich Methylierung untersucht werden können.

Besonders bevorzugt ist auch ein Verfahren bei dem man in einem Hybridisierungsschritt Oligonukleotide und/oder 15 Peptide Nucleic Acid (PNA) Oligomere verwendet, die an einen mindestens 9 Basen langen Sequenzabschnitt einer chemisch vorbehandelten DNA gemäß einer der Seq. ID 1 bis Seq. ID 40712 hybridisieren oder diesem entsprechen, wobei die Basensequenz mindestens ein CpG Dinukleotid 20 umfaßt und sich das CpG Dinukleotid in etwa im mittleren Drittel des Oligomers befindet. Diese Oligonukleotide sind geeignet, spezifische CpG Positionen hinsichtlich ihres Methylierungsgrades gemäß dem erfindungsgemäßen Verfahren zu untersuchen. Sie binden bevorzugt an die 25 Amplifikate behandelter DNA, welche aus einer an der betreffenden Cytosin Positionen methylierten genomischen DNA Probe hervorgingen.

Bevorzugt ist auch, dass die Markierungen Radionuklide 30 sind.

Bevorzugt ist ferner, dass die Markierungen ablösbare Massenmarkierungen sind, die in einem Massenspektrometer nachgewiesen werden.

Erfindungsgemäß besonders bevorzugt ist es, dass man die PCR-Produkte insgesamt oder deren charakteristische Fragmente im Massenspektrometer nachweist und somit durch ihre Masse eindeutig charakterisiert sind.

5

Erfindungsgemäß besonders bevorzugt ist es, dass die Oligomere (Oligonukleotide und/oder PNA-Oligomere) einer Klasse die Sequenz 5'-CG-3' umfassen.

10 Erfindungsgemäß besonders bevorzugt ist es, dass die Oligomere (Oligonukleotide und/oder PNA-Oligomere) einer Klasse die Sequenz 5'-TG-3' und/oder die Sequenz 5'-CA-3' umfassen.

15 Besonders bevorzugt ist es ferner auch, dass die Oligonukleotide der ersten Klasse die Sequenz 5'-CG-3' umfassen und die Oligonukleotide der zweiten Klassen die Sequenz 5'-TG-3' und/oder die Sequenz 5'-CA-3' umfassen.

20 Bevorzugt ist es auch, dass die Oligonukleotide der ersten und der zweiten Klasse auf einer gemeinsamen Festphase immobilisiert sind. Auch ist dabei bevorzugt, dass die Oligonukleotide auf einer ebenen Festphase in einem rechtwinkligen oder hexagonalen Raster angeordnet  
25 sind und der Ort bestimmter Oligonukleotide auf der Festphase mit deren jeweiliger Sequenz korreliert ist.

Ebenfalls besonders bevorzugt ist es, dass die Oligomere der ersten und zweiten Klasse auf Beads immobilisiert  
30 sind, welche mit einem Satz getrennt nachweisbarer Markierungen codiert sind. Letztere dienen zur Identifizierung des Beads, d.h. der an das betreffende Bead gebundenen Sequenzen. Die an die Beads gebundenen Amplifikate werden dann mittels anderer Markierungen,  
35 welche an die Amplifikate gebunden sind, identifiziert. Instrumente zur Durchführung solcher Messungen basierend

auf Beads werden beispielsweise von der Firma Luminex angeboten.

Ganz besonders bevorzugt ist ein erfindungsgemäßes

5 Verfahren, wobei man den Schritt b) in zwei Teilschritten wie folgt durchführt:

a) eine PCR Präamplifikation mit mindestens einem Primerpaar unterschiedlicher Sequenz, die an eine nach Anspruch 1 vorbehandelte DNA-Probe unspezifisch

10 hybridisieren und daher im PCR Schritt mehr als ein Amplifikat ergeben;

b) eine PCR Amplifikation des in der Präamplifikation gebildeten Produkts mit Primern unterschiedlicher Sequenz, die jeweils zu einem Abschnitt der nach Anspruch

15 1 vorbehandelten DNA-Probe [(+)-Strang oder (-)-Strang] identisch oder revers komplementär sind und an die zu amplifizierende DNA spezifisch hybridisieren.

Unter Hybridisierung wird im Zusammenhang dieser

20 Erfindung eine Hybridisierung zweier gemäß den Watson-Crick Regeln vollständig zueinander revers komplementärer DNA-Einzelstränge verstanden, ohne dass eine Basenfehlpaarung auftritt. Uracil wird in diesem Zusammenhang wie Thymin betrachtet.

25

Erfindungsgemäß bevorzugt ist es ferner, dass die Amplifikation von mehreren DNA-Abschnitten in einem Reaktionsgefäß durchgeführt wird.

30 Weiterhin ist erfindungsgemäß bevorzugt, dass für die Amplifikation eine hitzebeständige DNA-Polymerase verwendet wird. Besonders bevorzugt ist auch, dass die für die Amplifikation verwendeten Primeroligonukleotide der entweder nur die Basen T, A und C oder aber die Basen

35 T, A und G enthalten.

Bevorzugt ist es auch, dass mindestens 10 CpG Positionen in unterschiedlichem Sequenzkontext gleichzeitig analysiert werden. Besonders bevorzugt ist es, dass mindestens 50 CpG Positionen in unterschiedlichem

5 Sequenzkontext gleichzeitig analysiert werden. Ganz besonders bevorzugt ist es, dass mindestens 100 CpG Positionen in unterschiedlichem Sequenzkontext gleichzeitig analysiert werden. Höchst bevorzugt ist es, dass mindestens 500 CpG Positionen in unterschiedlichem

10 Sequenzkontext gleichzeitig analysiert werden. Am bevorzugsten ist es, dass mindestens 1000 CpG Positionen in unterschiedlichem Sequenzkontext gleichzeitig analysiert werden.

15 Erfnungsgemäß bevorzugt ist das Verfahren, wobei die genomische DNA-Probe aus Zelllinien, Blut, Sputum, Stuhl, Urin, Gehirn-Rückenmarks-Flüssigkeit, in Paraffin einbettetem Gewebe, beispielsweise Gewebe von Augen, Darm, Niere, Hirn, Herz, Prostata, Lunge, Brust oder

20 Leber, histologischen Objektträgern oder allen möglichen Kombinationen hiervon erhalten wurde.

Bevorzugt ist die Verwendung eines erfungsgemäßem Verfahrens zur Diagnose und/oder Prognose nachteiliger

25 Ereignisse für Patienten oder Individuen, wobei diese nachteiligen Ereignisse mindestens einer der folgenden Kategorien angehören: unerwünschte Arzneimittelwirkungen; Krebserkrankungen; CNS-Fehlfunktionen, Schäden oder Krankheit; Aggressionssymptome oder Verhaltensstörungen;

30 klinische, psychologische und soziale Konsequenzen von Gehirnschädigungen; psychotische Störungen und Persönlichkeitsstörungen; Demenz und/oder assoziierte Syndrome; kardiovaskuläre Krankheit, Fehlfunktion und Schädigung; Fehlfunktion, Schädigung oder Krankheit des

35 gastrointestinalen Traktes; Fehlfunktion, Schädigung oder Krankheit des Atmungssystems; Verletzung, Entzündung,

Infektion, Immunität und/oder Rekonvaleszenz;  
Fehlfunktion, Schädigung oder Krankheit des Körpers als  
Abweichung im Entwicklungsprozess; Fehlfunktion,  
Schädigung oder Krankheit der Haut, der Muskeln, des  
5 Bindegewebes oder der Knochen; endokrine und metabolische  
Fehlfunktion, Schädigung oder Krankheit; Kopfschmerzen  
oder sexuelle Fehlfunktion.

Weiterhin ist die Verwendung eines erfindungsgemäßen  
10 Verfahrens zur Unterscheidung von Zelltypen oder Geweben  
oder zur Untersuchung der Zelldifferenzierung bevorzugt.

Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist ein Kit,  
umfassend ein Bisulfit enthaltendes Reagenz,  
15 Primeroligonukleotiden zur Herstellung der Amplifikate  
und/oder vorzugsweise an einer Festphase immobilisierte  
Oligonukleotiden sowie eine Anleitung zur Durchführung  
des erfindungsgemäßen Verfahrens. Die  
Primeroligonukleotide und die immobilisierten  
20 Oligonukleotide werden wie oben beschrieben aus den Seq.  
IDs 1 bis 40712 abgeleitet.

Diese genomische DNA-Probe wird bevorzugt aus Zelllinien,  
Blut, Sputum, Stuhl, Urin, Gehirn-Rückenmarks-  
25 Flüssigkeit, in Paraffin einbettetem Gewebe,  
beispielsweise Gewebe von Augen, Darm, Niere, Hirn, Herz,  
Prostata, Lunge, Brust oder Leber, histologischen  
Objektträgern oder allen möglichen Kombinationen hiervon  
erhalten.

30 Bei diesem Verfahren wird im ersten Schritt eine  
genomische DNA-Probe derart behandelt, dass außer den 5-  
Methylcytosinbasen alle Cytosinbasen in Uracil  
umgewandelt werden. Diese chemische Behandlung wird  
35 bevorzugt mit der Lösung eines Bisulfits  
(=Hydrogensulfit, Disulfit) durchgeführt.

Dieser Verfahrensschritt kann nicht nur mit der genetischen DNA-Probe durchgeführt werden, sondern vorzugsweise sinngemäß auch mit bekanntermaßen an der

5 Position des besagten bestimmten Cytosins methyliert oder aber unmethyliert vorliegender Standard-DNA.

Im zweiten Schritt des Verfahrens werden die Teile der genetischen DNA amplifiziert, die das besagte bestimmte  
10 Cytosin enthalten. Dieser Schritt kann besonders bevorzugt in zwei Teilschritten durchgeführt werden:

1. Zuerst wird eine PCR Präamplifikation mit mindestens einem Primerpaar unterschiedlicher Sequenz durchgeführt,  
15 die an eine chemisch vorbehandelte DNA hybridisieren. Diese Vorbehandlung erfolgte chemisch derart, dass die Cytosinbasen in Uracil umgewandelt wurden, nicht aber die 5-Methylcytosinbasen.  
20 2. Eine PCR-Amplifikation des in der Präamplifikation gebildeten Produkts wird mit Primern unterschiedlicher Sequenz durchgeführt. Diese Primer sind identisch oder revers komplementär zu einem Abschnitt des chemisch vorbehandelten DNA [(+)-Strangs oder (-)-Strangs] und  
25 hybridisieren spezifisch an die zu amplifizierende DNA. Die Amplifikate enthalten vorzugsweise eine nachweisbare Markierung.

Im folgenden dritten Schritt des Verfahrens erfolgt eine  
30 Hybridisierung der Amplifikate an bevorzugt zwei Klassen von Oligonukleotiden mit jeweils mindestens einem Mitglied. In einer besonders bevorzugten Variante des Verfahrens umfassen die Oligonukleotide der ersten Klasse die Sequenz 5'-CG-3' und die Oligonukleotide der zweiten Klasse  
35 Klasse die Sequenz 5'-TG-3' und/oder die Sequenz 5'-CA-3'. Die Oligonukleotide der ersten und der zweiten Klasse

sind vorzugsweise auf einer gemeinsamen Festphase immobilisiert. Die Oligonukleotide sind auf einer ebenen Festphase in einem rechtwinkligen oder hexagonalen Raster angeordnet und der Ort der bestimmten Oligonukleotide ist 5 auf der Festphase mit der jeweiligen Sequenz korreliert.

Die Oligonukleotide der ersten Klasse hybridisieren bevorzugt an die Sequenz, welche aus der chemischen Behandlung der genomischen DNA hervorgeht, wenn das 10 besagte bestimmte Cytosin in der genomischen DNA methyliert vorläge. Die Oligonukleotide der zweiten Klasse hybridisieren bevorzugt an die Sequenz, welche aus der chemischen Behandlung der genomischen DNA hervorgeht, wenn das besagte bestimmte Cytosin in der genomischen DNA 15 unmethyliert vorläge.

Die Amplifikation von mehreren DNA-Abschnitten wird besonders bevorzugt in einem Reaktionsgefäß durchgeführt. Bevorzugt führt man die Amplifikation mit der 20 Polymerasekettenreaktion (PCR) durch, wobei vorzugsweise eine hitzebeständige DNA-Polymerase verwendet wird.

Die für die Amplifikation verwendeten Primeroligonukleotide enthalten bevorzugt entweder nur 25 die Basen T, A und C oder aber die Basen T, A und G.

Im vierten Verfahrensschritt wird das Ausmaß der Hybridisierung der Amplifikate an die zwei Klassen von Oligonukleotiden durch die Detektion der Markierungen der 30 Amplifikate bestimmt. Die Markierungen sind besonders bevorzugt Fluoreszenzmarkierungen, Radionuklide oder ablösbare Massenmarkierungen, die in einem Massenspektrometer nachgewiesen werden. Die Markierung werden vorzugsweise ebenfalls durch Chemilumineszenz, UV- 35 Absorption oder Fluoreszenzpolarisation nachgewiesen. Die PCR-Produkte können auch bevorzugt insgesamt oder als

deren charakteristische Fragmente im Massenspektrometer nachgewiesen werden. Somit sind die PCR-Produkte durch ihre Masse eindeutig charakterisiert.

5 Im letzten Verfahrensschritt wird aus dem Verhältnis der an den zwei Klassen von Oligonukleotiden in Folge der Hybridisierung detektierten Markierungen auf den Methylierungsgrad des besagten bestimmten Cytosins in der genomischen DNA-Probe geschlossen.

10 Die jeweils mit der unmethylierten Standard-DNA gemessenen Verhältnisse der an den beiden Klassen von Oligonukleotiden detektierten Markierungen dienen vorzugsweise als Eichwert für einen Methylierungsgrad von  
15 0.

Entsprechend dienen die jeweils mit der methylierten Standard-DNA gemessenen Verhältnisse der an den beiden Klassen von Oligonukleotiden detektierten Markierungen vorzugsweise als Eichwert für einen Methylierungsgrad von  
20 1. Diese Eichwerte werden besonders bevorzugt für die Bestimmung des Methylierungsgrades der genomischen DNA-Proben eingesetzt.

25 Für die Eichung können vorzugsweise auch weitere bekannte Standard DNA-Proben zur Eichung verwendet werden, die jeweils einen beliebigen bekannten Methylierungsgrad des besagten bestimmten Cytosins aufweisen.

30 Das Verfahren ist dadurch charakterisiert, dass bevorzugt mindestens 10 CpG Positionen in unterschiedlichem Sequenzkontext gleichzeitig analysiert werden. Ferner können vorzugsweise mindestens 50 CpG Positionen in unterschiedlichem Sequenzkontext gleichzeitig analysiert  
35 werden. Bevorzugt ist außerdem, dass mindestens 100 CpG Positionen in unterschiedlichem Sequenzkontext

gleichzeitig analysiert werden. Sehr bevorzugt ist die gleichzeitige Analyse von mindestens 500 CpG Positionen in unterschiedlichem Sequenzkontext. Besonders bevorzugt ist abschließend die gleichzeitige Analyse von mindestens 5 1000 CpG Positionen in unterschiedlichem Sequenzkontext.

Das beschriebene Verfahren wird bevorzugt verwendet zur Diagnose und/oder Prognose nachteiliger Ereignisse für Patienten oder Individuen, wobei diese nachteiligen Ereignisse mindestens einer der folgenden Kategorien angehören: unerwünschte Arzneimittelwirkungen; Krebserkrankungen; CNS-Fehlfunktionen, Schäden oder Krankheit; Aggressionssymptome oder Verhaltensstörungen; klinische, psychologische und soziale Konsequenzen von Gehirnschädigungen; psychotische Störungen und Persönlichkeitsstörungen; Demenz und/oder assoziierte Syndrome; kardiovaskuläre Krankheit, Fehlfunktion und Schädigung; Fehlfunktion, Schädigung oder Krankheit des gastrointestinalen Traktes; Fehlfunktion, Schädigung oder Krankheit des Atmungssystems; Verletzung, Entzündung, Infektion, Immunität und/oder Rekonvaleszenz; Fehlfunktion, Schädigung oder Krankheit des Körpers als Abweichung im Entwicklungsprozess; Fehlfunktion, Schädigung oder Krankheit der Haut, der Muskeln, des Bindegewebes oder der Knochen; endokrine und metabolische Fehlfunktion, Schädigung oder Krankheit; Kopfschmerzen oder sexuelle Fehlfunktion.

Das vorliegende Verfahren wird besonders bevorzugt verwendet zur Unterscheidung von Zelltypen oder Geweben oder zur Untersuchung der Zelldifferenzierung.

Durch Bestimmung der Hybrisierungsverhältnisse zwischen den zwei eingesetzten Klassen von Oligonukleotiden (z.B. 35 enthaltend CG/TG) wird Unabhängigkeit von der Intensität

der Gesamthybridisierung der unbekannten Gewebeproben erreicht.

Zur Kalibrierung von unbekannten Gewebeproben werden 5 unmethylierte und aufmethylierte Vergleichsproben als Standards eingesetzt.

Bestandteil dieses Verfahrens ist ferner ein Kit, das ein Bisulfat enthaltendes Reagenz, Primeroligonukleotide zur 10 Herstellung der Amplifikate und/oder vorzugsweise an eine Festphase immobilisierte Oligonukleotide umfasst. Die Oligonukleotide (erste Klasse) umfassen die Sequenz 5'-CG-3'. Die Oligonukleotide (zweite Klasse) umfassen die Sequenz 5'-TG-3' und/oder die Sequenz 5'-CA-3'. Zu dem 15 Kit gehört auch eine Anleitung zur Durchführung des Verfahrens.

Gegenstand der vorliegenden Erfindung sind weiterhin die Nukleinsäuren, die sich für die Durchführung des 20 Verfahrens besonders eignen.

Gegenstand der Erfindung ist auch ein Satz von mindestens 10 Oligomersonden (Oligonukleotiden und/oder PNA-Oligomeren), die zur Detektion des Cytosin- 25 Methylierungszustandes in chemisch vorbehandelter genomischer DNA (Seq. ID 1 bis Seq. ID 40712) dienen. Mit diesen Sonden ist die Analyse eines Satzes genetischer und/oder epigenetischer Parameter zur Diagnose von bestehenden Erkrankungen oder für die Diagnose der 30 Prädisposition für bestimmte Erkrankungen möglich.

Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist auch ein mindestens 18 Basen langer Sequenzabschnitt einer behandelten DNA gemäß einer der Seq. ID 1 bis Seq. ID 35 40712. Diese 18 Basenpaare lange Abschnitte aus Seq. ID 1

bis Seq. ID 40712 werden für die Amplifikation der behandelten genomischen DNA benutzt. Als Detektoren für diese Abschnitte werden Oligomere mit einer Länge von mindestens 9 Nukleotiden verwendet.

5

Die Oligomere enthalten bevorzugt mindestens ein CpG Dinukleotid. Das Cytosin des entsprechenden CpG Dinukleotids befindet sich in etwa im mittleren Drittel des Oligomers. Entscheidend ist, dass im jeweiligen Satz 10 von Oligomeren für zumindest jedes der CpG Dinukleotide mindestens ein Oligonukleotid aus Seq. ID 1 bis Seq. ID 40712 vorhanden ist.

Die Oligomere werden bevorzugt auf einem Trägermaterial 15 in einer fixierten Anordnung hergestellt, wobei mindestens ein Oligomer an eine feste Phase gekoppelt wird. Verfahren zur Bindung von Oligomersonden an Festphasen sind dem Fachmann bekannt.

20 Wichtig ist in diesem Zusammenhang ferner, dass man zur Diagnose von genetischen und/oder epigenetischen Parametern der beanspruchten Nukleinsäuren (Seq. ID 1 bis Seq. ID 40712) nicht einzelne CpG Dinukleotide, sondern die eine grosse Anzahl der in den Sequenzen vorhandenen 25 CpG Dinukleotide analysieren muss. In einer besonders bevorzugten Variante des Verfahrens sind alle in den Sequenzen vorhandenen CpG Dinukleotide zu untersuchen.

30 Wiederum bevorzugt ist es, dass alle Oligomersonden die gleiche Länge haben. Besonders bevorzugt sind weiterhin alle 18mere, welche ein CG Dinukleotid in der Mitte

aufweisen und die an eine der Seq. ID 1 bis Seq. ID 40712 ohne Basenfehlpaarungen hybridisieren.

In einer wiederum bevorzugten Variante des Verfahrens

5    werden mindesten zehn der Oligomere zur Detektion des Cytosin-Methylierungszustandes und/oder von Single Nucleotide Polymorphismen (SNPs) in chemisch vorbehandelter genomischer DNA verwendet.

10    Die Oligomere werden vorzugsweise verwendet zur Diagnose von unerwünschten Arzneimittelwirkungen, Krebserkrankungen, CNS-Fehlfunktionen, Schäden oder Erkrankungen, aggressiven Symptomen oder Verhaltensstörungen, klinischen, psychologischen und

15    sozialen Folgen von Gehirnverletzungen, psychotische Störungen und Persönlichkeitsstörungen, Demenz und/oder assoziierten Syndromen, kardiovaskulärer Krankheit, Fehlfunktion, Schädigung oder Erkrankung des gastrointestinalen Traktes, Fehlfunktion, Schädigung oder

20    Erkrankung des Atmungssystems, Verletzung, Entzündung, Infektion, Immunität und/oder Rekonvaleszenz, Fehlfunktion, Schädigung oder Erkrankung des Körpers als Abweichung im Entwicklungsprozess, Fehlfunktion, Schädigung oder Erkrankung der Haut, der Muskeln, des

25    Bindegewebes oder der Knochen, endokrine und metabolische Fehlfunktion, Schädigung oder Erkrankung, Kopfschmerzen und sexuellen Fehlfunktionen durch Analyse von Methylierungsmustern.

30    Auch von den im Sequenzprotokoll aufgelisteten Nukleinsäuren oder erheblichen Teilen davon (Seq. ID 1 bis Seq. ID 40712) wird vorzugsweise mindestens eine

verwendet für die Analyse eines Satzes genetischer und/oder epigenetischer Parameter zur Diagnose von bestehenden Erkrankungen oder für die Diagnose der Prädisposition für bestimmte Erkrankungen.

5

Dem Fachmann wird verständlich sein, dass die Oligomere bei einem Austausch von Thymin gegen Uracil in den verwendeten Sequenzen den gleichen Zweck erfüllen.

- 10 Die zu analysierende genomische DNA wird bevorzugt aus den üblichen Quellen für DNA erhalten, wie z. B. Zelllinien, Blut, Sputum, Stuhl, Urin, Gehirn-Rückenmarks-Flüssigkeit, in Paraffin eingebettetes Gewebe, beispielsweise Gewebe von Augen, Darm, Niere, Hirn, Herz, Prostata, Lunge, Brust oder Leber, histologische Objektträger und alle möglichen Kombinationen hiervon.
- 15

Gegenstand der vorliegenden Erfindung sind auch

- 20 Nukleinsäuren, umfassend einen mindestens 18 Basen langen Sequenzabschnitt einer chemisch vorbehandelten DNA gemäß einer der Seq. ID 1 bis Seq. ID 40712.

Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist auch ein

- 25 Oligomer (Oligonukleotid oder Peptide Nucleic Acid (PNA)-Oligomer) zur Detektion des Cytosin-Methylierungszustandes in chemisch vorbehandelter DNA, umfassend jeweils mindestens eine Basensequenz mit einer Länge von mindestens 9 Nukleotiden, die an eine chemisch
- 30 vorbehandelte DNA (Seq. ID 1 bis Seq. ID 40712) hybridisiert. Dabei ist es erfindungsgemäß bevorzugt, dass die Basensequenz mindestens ein CpG Dinukleotid umfasst. Bevorzugt ist dabei auch, dass das Cytosin des CpG Dinukleotids in etwa im mittleren Drittelpunkt des
- 35 Oligomers befindet.

Gegenstand der Erfindung ist auch ein Satz von erfindungsgemäßen Oligomeren, umfassend mindestens ein Oligomer für zumindest eines der CpG Dinukleotide einer

5 der Sequenzen der Seq. ID 1 bis Seq. ID 40712. Bevorzugt ist dabei, ein Satz von Oligomeren, umfassend für jedes der CpG Dinukleotide aus einer der Sequenzen der Seq. ID 1 bis Seq. ID 40712 mindestens ein Oligomer.

10 Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist auch ein Satz von mindestens zwei Nukleinsäuren, die als Primeroligonukleotide zur erfindungsgemäßen Amplifikation mindestens einer der Seq. ID 1 bis Seq. ID 40712 oder Abschnitten davon eingesetzt werden. Dabei ist bevorzugt,

15 dass mindestens ein Oligonukleotid an eine Festphase gebunden ist.

Gegenstand der Erfindung ist auch ein Satz von Oligomersonden zur Detektion des Cytosin-

20 Methylierungszustandes und/oder von Single Nucleotide Polymorphismen (SNPs) in chemisch vorbehandelter genomicscher DNA gemäß einer der Seq. ID 1 bis Seq. ID 40712, umfassend mindestens zehn der erfindungsgemäßen oben genannten Oligomere.

25 Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist ferner ein Verfahren zur Herstellung einer auf einem Trägermaterial fixierten Anordnung von unterschiedlichen Oligomeren (Array) zur Analyse von in Zusammenhang mit dem

30 Methylierungszustandes der CpG-Dinukleotide einer der Seq. ID 1 bis Seq. ID 40712 stehenden Erkrankungen, bei dem mindestens ein Oligomer erfindungsgemäß an eine feste Phase gekoppelt wird.

Gegenstand der Erfindung sind auch an eine Festphase gebundene Anordnungen von unterschiedlichen erfindungsgemäßen Oligomeren (Array).

- 5 Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist auch ein Array von unterschiedlichen Oligonukleotid- und/oder PNA-Oligomersequenzen wobei diese auf einer ebenen Festphase in Form eines rechtwinkligen oder hexagonalen Gitters angeordnet sind. Bevorzugt ist dabei, dass die
- 10 Festphasenoberfläche aus Silizium, Glas, Polystyrol, Aluminium, Stahl, Eisen, Kupfer, Nickel, Silber oder Gold besteht.

- 15 Erfindungsgemäß ist auch ein DNA- und/oder PNA-Array zur Analyse von in Zusammenhang mit dem Methylierungszustand von Genen stehenden Erkrankungen, der mindestens eine erfindungsgemäße wie oben beschriebene Nukleinsäure beinhaltet.
- 20 Die folgenden Beispiele erläutern die Erfindung.

Beispiel 1:

Herstellung von nicht- und aufmethylierter DNA und Bisulphit-Behandlung

- 25 Für die Herstellung aufmethylierter DNA wurden humane genomische DNA mit S-Adenosylmethion und der CpG Methylase (SssI, New England Biolabs, ) nach Angaben des Herstellers behandelt. Für die Herstellung nicht-methylierter DNA wurde das Genfragment ELK-1 (Accession number ep59011) mit den Primer GCTCTATGGTCTTGTCTAACCGTA und AGGTGGTGGTGGCGGTGG ausgehend von humaner genomischer DNA, mittels PCR amplifiziert. Die so hergestellte nicht- und aufmethylierter DNA, wie auch humane genomische DNA,
- 30 35 wurde unter Verwendung von Bisulphit (Hydrogensulfit,

Disulfit) derart behandelt, dass alle nicht an der 5-Position der Base methylierten Cytosine so verändert werden, dass eine hinsichtlich dem Basenpaarungsverhalten unterschiedliche Base entsteht, während die in 5-Position 5 methylierten Cytosine unverändert bleiben. Wird für die Reaktion Bisulfit im Konzentrationsbereich zwischen 0.1 M und 6 M verwendet, so findet an den nicht methylierten Cytosinbasen eine Addition statt. Zudem müssen ein 10 denaturierendes Reagenz oder Lösungsmittel sowie ein Radikalfänger zugegen sein. Eine anschließende alkalische Hydrolyse führt dann zur Umwandlung von nicht methylierten Cytosin-Nukleobasen in Uracil. Diese umgewandelte DNA dient dazu, methylierte Cytosine nachzuweisen.

15

Beispiel 2:

Herstellung der Cy5-markierten Gensonden

20 Ausgehend von den Bisulphit behandelten DNA Proben wird je ein definiertes Fragment der Länge 529 bp aus der Promoterregion des ELK-1 Gens amplifiziert (Accession number ep59011). Die Amplifikation wird mit den Primeroligonukleotiden ATGGTTTGTTAACATYGTAGAGTTGTTT und 25 TAAACCCRAAAAAAAACCAATAT durchgeführt. Durch Verwenden von Primeroligonukleotiden, die mit dem Fluoreszenfarbstoff Cy5 markiert sind, wird das Fragment direkt bei der PCR markiert. Als Matrix DNA wird Bisulphit (Hydrogensulfit, Disulfit) behandelte (1) nichtmethylierte, (2) aufmethylierte und (3) humane 30 genomische DNA verwendet. Anschließend werden diese drei unterschiedlichen DNA-Fragmente in getrennten Hybridisierungen auf ihren Methylierungsgrad an einer spezifischen CpG Position untersucht.

35

Beispiel 3:

Durchführung der Hybridisierung und Auswertung eines hybridisierten DNA-“Chip”

- 5 Die in Beispiel 2 hergestellte Gensonden wird auf einem DNA Chip hybridisiert. Auf dem Chip sind zuvor Oligonukleotide immobilisiert worden. Die Oligonukleotidsequenzen leiten sich von dem in Beispiel 2 genannten amplifizierten Fragment des Gens ELK-1 ab, 10 und repräsentierten die CG Dinukleotide, die unmittelbare Umgebung einschließend. Die Länge der Oligonukleotide beträgt 14-22 Nukleotide, die Position des CG Dinukleotides innerhalb der Oligonukleotide ist variabel. Nach der Hybridisierung wird der DNA Chip gescannt (siehe 15 Fig. 1) und die Hybridisierungssignale numerisch ausgewertet (Daten nicht gezeigt). Das Ergebnis der Hybridisierung für die Oligonukleotide CTACTAACGAAAACAAA und CTACTAACAAAAACAAA wird in Fig. 1 und Fig. 2 gezeigt. Hierbei hybridisiert CTACTAACGAAAACAAA bevorzugt, wenn 20 das zu Cytosin des ELK-1 Fragments, welches sich an Position 103 des Amplifikates befindet, methyliert ist, CTACTAACAAAAACAAA wenn dieses Cytosin nicht-methyliert ist.
- 25 In Figur 1 ist ein DNA Chip nach Hybridisierung mit dem ELK-1 Fragment dargestellt. Dargestellt ist das Falschfarben-Bild wie es nach dem Scannen erzeugt wird. Entgegen der hier dargestellten schwarz-weiß Abbildung wird von dem Scanner ein farbiges Bild erzeugt. Die 30 Intensität der verschiedenen Farben repräsentiert den Grad der Hybridisierung, wobei der Hybridisierungsgrad von rot (in Figur 1 als helle Spots zu erkennen) nach blau (in Figur 1 als dunkle Spots zu erkennen) abnimmt.
- 35 Figur 2 A stellt eine Teilabbildung von Figur 1 dar. Zur Verdeutlichung des Hybridisierungsschemas sind die

gespotteten Oligonukleotidpaare weiß umrandet:  
 ctactcaacaaaaacaaa (links) und ctactcaacgaaaacaaa  
 (rechts).

5    Teilabbildung Figur 2 B zeigt das Spottingmuster für  
 einen unbekannten Methylierungsstatus der Gewebeprobe und  
 Teilabbildung Figur 2 C den Methylierungsstatus für die  
 aufmethylierte Vergleichsprobe.

10   Tabelle 1:

	Probe A (unmethyliert)		Probe B (unbekannt)		Probe C (aufmethyliert)	
Sequenz des Detektionsoligomers	Fluoreszenz (counts)	Mittelwert	Fluoreszenz z (counts)	Mittelwert	Fluoreszenz z (counts)	Mittelwert
ctactcaacgaaaacaaa	3352		6102		6002	
ctactcaacgaaaacaaa	2950		6775		7898	
ctactcaacgaaaacaaa	4196		6360		7485	
ctactcaacgaaaacaaa	5181		5521		11401	
		3920		6190		8197
ctactcaacaaaaacaaa	20577		7074		7290	
ctactcaacaaaaacaaa	19709		9171		9985	
ctactcaacaaaaacaaa	24130		7603		9286	
ctactcaacaaaaacaaa	21601		9434		12435	
		21504		8321		9749
CG/CA		0,28		0,74		0,84

Der Mittelwert ist jeweils für eine Wellenlänge von 635  
 nm angegeben. In Spalte A werden die Werte für die  
 15   unmethylierte Probe, in Spalte B für einen unbekannten  
 Methylierungsstatus einer Gewebeprobe und in Spalte C die  
 Werte für die aufmethylierte Vergleichsprobe. Die CG/CA  
 Verhältnisse repräsentieren den Methylierungsstatus der  
 jeweiligen Probe. Der Wert von 0,74 zeigt, dass die Probe  
 20   im wesentlichen in aufmethylierter Form vorliegt.

Beispiel 4:

Das folgende Beispiel bezieht sich auf ein Fragment des mit dem vererbaren non-polyposis Colorektalkrebs assoziierten Gens hMLH1, in dem eine bestimmte CG-Position auf Methylierung untersucht wird.

Im ersten Schritt wird eine genomische Sequenz unter Verwendung von Bisulfit (Hydrogensulfit, Disulfit) derart behandelt, dass alle nicht an der 5-Position der Base methylierten Cytosine so verändert werden, dass eine hinsichtlich dem Basenpaarungsverhalten unterschiedliche Base entsteht, während die in 5-Position methylierten Cytosine unverändert bleiben. Wird für die Reaktion Bisulfit im Konzentrationsbereich zwischen 0.1 M und 6 M verwendet, so findet an den nicht methylierten Cytosinbasen eine Addition statt. Zudem müssen ein denaturierendes Reagenz oder Lösungsmittel sowie ein Radikalfänger zugegen sein. Eine anschließende alkalische Hydrolyse führt dann zur Umwandlung von nicht methylierten Cytosin-Nukleobasen in Uracil. Diese umgewandelte DNA dient dazu, methylierte Cytosine nachzuweisen. Im zweiten Verfahrensschritt verdünnt man die behandelte DNA-Probe mit Wasser oder einer wässrigen Lösung. Bevorzugt wird anschliessend eine Desulfonierung der DNA (10-30 min, 90-100 °C) bei alkalischem pH-Wert durchgeführt. Im dritten Schritt des Verfahrens amplifiziert man die DNA-Probe in einer Polymerasekettenreaktion, bevorzugt mit einer hitzebeständigen DNA-Polymerase. Im vorliegenden Beispiel werden Cytosine des Gens hMLH1, hier aus einer 1551 bp großen 5' flankierenden Region, untersucht. Dazu wird mit den spezifischen Primeroligonukleotiden AGCAACACCTCCATGCACTG und TTGATTGGACAGCTTGAATGC ein definiertes Fragment der Länge 719 bp amplifiziert. Dieses Amplifikat dient als Probe, die an ein vorher an

einer Festphase gebundenes Oligonukleotid unter Ausbildung einer Duplexstruktur hybridisiert, beispielsweise GAAGAGCGGACAG, wobei sich das nachzuweisende Cytosin an Position 588 des Amplifikats 5 befindet. Der Nachweis des Hybridisierungsprodukts beruht auf Cy3 und Cy5 fluoreszenzmarkierten Primeroligonukleotiden, die für die Amplifikation verwendet wurden. Nur wenn in der Bisulfit behandelten DNA an dieser Stelle ein methyliertes Cytosin vorgelegen 10 hat, kommt es zu einer Hybridisierungsreaktion der amplifizierten DNA mit dem Oligonukleotid. Somit entscheidet der Methylierungsstatus des jeweiligen zu untersuchenden Cytosins über das Hybridisierungsprodukt.

15 Beispiel 5:

Herstellung von durch Bisulfit modifizierter DNA durch Agarose beads

In dem vorliegenden Experiment wird, ausgehend von mit 20 Bisulfit behandelter DNA, ein definiertes Fragment der Länge 529 bp aus der Promoterregion des ELK-1 Gens (Accession number ep59011) amplifiziert. Durch Verwenden der Primeroligonukleotide ATGGTTTGTAAATYGTAGAGTTGGTT und TAAACCCRAAAAAAAACCCAATAT, die mit dem 25 Fluoreszenzfarbstoff ALEXA 488 markiert sind, wird das Fragment direkt bei der PCR markiert. Oligonukleotide der ersten Klasse (hier beispielsweise ATTAATAGCGTTGGTT) und der zweiten Klasse (hier: beispielsweise ATTAATAGTGTGGTT) werden an den Oberflächen von beads 30 immobilisiert, die sich durch eine individuelle Farbkodierung unterscheiden. In einem folgenden Schritt werden die mit den oben genannten Primeroligonukleotiden hergestellten Amplifikate des Gens ELK-1, mit einem Gemisch beider Klassen der beads zusammengebracht, wobei 35 die Amplifikate gegen die immobilisierten Oligonukleotide, hier beispielsweise ATTAATAGCGTTGGTT

und ATTAATAGTGTGTTGGTT, wobei sich das nachzuweisende C bzw. T jeweils an Position 476 des Amplifikats befindet, hybridisieren. Anschließend werden die beads vereinzelt, dann durch Fluoreszenzmessung anhand ihrer Farbkodierung 5 identifiziert und durch Messung der Fluoreszenzintensitäten, die spezifisch für den Fluoreszenzfarbstoff ALEXA 488 sind, der Grad der Hybridisierung ermittelt.

10 Beispiel 6:

Verwendung von multiplen Farbstoffen zur internen Kalibrierung

Ausgehend von mit Bisulfit behandelter DNA wird ein 15 definiertes Fragment der Länge 529 bp aus der Promoterregion des ELK-1 Gens amplifiziert. Durch Verwenden fluoreszenzmarkierter Primeroligonukleotide ATGGTTTGTAAATYGTAGAGTTGTTT und TAAACCCRAAAAAAAACCAATAT, wird das Fragment direkt bei 20 der PCR markiert. Für die PCR Reaktion, die auf einem Thermocycler (Eppendorf GmbH) durchgeführt wird, werden 10 ng von mit Bisulfit behandelter DNA, 6 pmol je Primer, 200 µM je dNTP, 1.5 mM MgCl<sub>2</sub> und 1 U HotstartTaq (Qiagen AG) eingesetzt. Die übrigen Bedingungen werden den 25 Herstellerangaben gemäß gewählt. Für die Amplifikation wird eine Denaturierung für 14 min bei 96 °C durchgeführt, woran sich 39 Zyklen mit den Bedingungen 60 sec bei 96 °C, 45 sec bei 55 °C und 75 sec bei 72 °C anschließen. Zum Schluss wird eine Elongation für 10min bei 72 °C 30 durchgeführt. Im vorliegenden Fall werden die zu untersuchenden Proben, hier Gewebe von gesunden und kranken Personen, mit dem Farbstoff Cy2 markiert. Zur internen Kalibrierung des Methylierungsstatus werden Primeroligonukleotide zur Amplifikation der Proben für 35 die Kalibrierung verwendet, die mit den Fluoreszenzfarbstoffen Cy3 und Cy5 markiert sind. Die

Amplifikate aus den Proben für die Kalibrierung repräsentieren einen bekannten Methylierungsstatus, zum einen, einen Zustand hundertprozentiger Methylierung und zum anderen einen nicht-methylierten Zustand. Da bei 5 diesem Verfahren die Verhältnisse der Farbintensitäten der Fluoreszenzfarbstoffe, die unter Verwendung des ScanArray 4000XL, Packard BioScience-BioChip Technologies, gemessen werden, zwischen zwei Klassen von Oligonukleotiden, hier beispielsweise ATTAATAGCGTTTGGTT 10 und ATTAATAGTGTGTTGGTT, wobei sich das nachzuweisende C bzw. T jeweils an Position 476 des Amplifikats befindet, berechnet werden, kann, das Verhältnis von methyliertem zu nicht methyliertem Zustand der unbekannten Proben ermittelt werden.

15

Beispiel 7:

Verwendung von multiplen Farbstoffen zur Erhöhung des Probendurchsatzvolumens und zur Erhöhung der Analysekomplexität

20

Das vorliegende Experiment dient dazu, verschiedene Proben in einem einzigen Hybridisierungsschritt zu analysieren und dadurch das Probendurchsatzvolumen zu erhöhen. Dazu wird von vier Individuen jeweils aus der 25 Promotorregion des Gens ELK-1 jeweils ein definiertes Fragment der Länge 529 bp ausgehend von mit Bisulfit behandelter DNA, mit den Primeroligonukleotiden ATGGTTTGTAAATYGTAGAGTTGGTT und TAAACCCRAAAAAAAACCCAATAT, amplifiziert. Diese von den 30 vier Individuen stammenden Fragmente werden mit den vier verschiedenen Fluoreszenzfarbstoffen Cy3, Cy5, Cy2 und Cy7 markiert und gegen immobilisierte Oligonukleotide, hier beispielsweise ATTAATAGCGTTTGGTT und ATTAATAGTGTGTTGGTT, wobei sich das nachzuweisende C bzw. T jeweils an 35 Position 476 des Amplifikats befindet, hybridisiert. Diese verschiedenen fluoreszenzmarkierten Proben werden

anschließend bei unterschiedlichen Wellenlängen analysiert, ohne dass es zu einer gegenseitigen, auf einer Fluoreszenzfarbstoff basierenden Beeinflussung, kommt.

- 5 Umgekehrt ist es auch möglich, aus einer DNA Probe verschiedene unterschiedliche Sätze von Fragmenten zu erzeugen, die mit unterschiedlichen Farbstoffen markiert sind, hier Cy2, Cy3 und Cy5. Wird ein Satz von Oligonukleotidsonden für 64 Gene (Satz 1) auf einem Chip 10 immobilisiert, so ist die Spezifität ausreichend, um 64 z.B. Cy3 markierte Fragmente unabhängig voneinander zu analysieren.. Dadurch, dass hier Proben von Satz 1 mit dem Fluoreszenzfarbstoff Cy3 und Proben von Satz 2 mit dem Fluoreszenzfarbstoff Cy5 markiert werden (und Satz 3 15 mit Cy2), wird die Detektion des Methylierungsstatus über die Fragmente des Satzes 1 bei der Messung der Fluoreszenzintensitäten nicht durch die fluoreszenzmarkierten Amplifikate der Sätze 2 und 3 beeinflusst (und umgekehrt). Damit ist es möglich, trotz 20 erhöhter Komplexität der Amplifikate gleichermaßen zuverlässige Daten zu erzeugen wie bei einer Komplexität von 64 Amplifikaten.

Beispiel 8:

- 25 Verwendung von multiplen Farbstoffen zur Verifizierung der experimentellen Reproduzierbarkeit.

In dem vorliegenden Experiment werden gleiche PCR-Amplifikate mit vier verschiedenen Fluoreszenzfarbstoffen 30 markiert und diese in 4 facher Redundanz verifiziert. Dazu wird, ausgehend von mit Bisulfit behandelter DNA, ein definiertes Fragment der Länge 529 bp aus der Promoterregion des ELK-1 Gens mit den Primeroligonukleotiden ATGGTTTGTTAACATYGTAGAGTTGTTT und 35 TAAACCCRAAAAAAAACCAATAT, amplifiziert und gegen immobilisierte Oligonukleotide, hier beispielsweise

ATTAATAGCGTTTGGTT und ATTAATAGTGTGTTGGTT, wobei sich das nachzuweisende C bzw. T jeweils an Position 476 des Amplifikats befindet, hybridisiert. Durch Verwenden von mit Cy3, Cy5, Cy2 und Cy7 fluoreszenzmarkierten

5 Primeroligonukleotiden werden die Verhältnisse der unterschiedlich fluoreszenzmarkierten Proben verglichen und auf diese Weise eine höhere experimentelle Sicherheit erzielt.

## Patentansprüche

1. Verfahren zur Detektion des Methylierungsgrades eines bestimmten Cytosins im Sequenzkontext 5'-CpG-3' einer 5 genomischen DNA-Probe, dadurch gekennzeichnet, dass
  - a) man die genomische DNA chemisch behandelt, wobei man die Cytosinbasen in Uracil umwandelt, nicht aber die 5-Methylcytosinbasen;
  - b) man Teile der genomischen DNA amplifiziert, die das besagte bestimmte Cytosin enthalten, wobei die Amplifikate eine nachweisbare Markierung erhalten;
  - c) man die Amplifikate an zwei Klassen von Oligonukleotiden und/oder PNA-Oligomeren mit jeweils mindestens einem Mitglied hybridisiert;
  - d) man das Ausmaß der Hybridisierung der Amplifikate an die zwei Klassen von Oligonukleotiden und/oder PNA-Oligomeren durch Detektion der Markierung der Amplifikate bestimmt;
  - e) man aus dem Verhältnis der an den zwei Klassen von Oligonukleotiden und/oder PNA-Oligomeren in Folge der Hybridisierung detektierten Markierungen auf den Methylierungsgrad besagten bestimmten Cytosins in der 25 genomischen DNA-Probe schließt.
- 30 2. Verfahren nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, dass in Schritt c) eine Hybridisierung der Amplifikate an zwei Klassen von Oligomeren (Oligonukleotiden und/oder PNA-Oligomeren) mit jeweils mindestens einem Mitglied erfolgt, wobei die 35 Oligomere der ersten Klasse bevorzugt an die Sequenz hybridisieren, welche aus der chemischen Behandlung

der genomischen DNA hervorgeht, wenn das besagte bestimmte Cytosin in der genomischen DNA methyliert vorläge und wobei die Oligomere der zweiten Klasse bevorzugt an die Sequenz hybridisieren, welche aus der chemischen Behandlung der genomischen DNA hervorgeht, wenn das besagte bestimmte Cytosin in der genomischen DNA unmethyliert vorläge.

3. Verfahren nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, dass in Schritt c) eine Hybridisierung der Amplifikate an zwei Klassen von Oligomeren (Oligonukleotiden und/oder PNA-Oligomeren) mit jeweils mindestens einem Mitglied erfolgt, wobei die Oligomere der ersten Klasse bevorzugt an die Sequenz hybridisieren, welche aus der chemischen Behandlung der genomischen DNA hervorgeht, wenn das besagte bestimmte Cytosin in der genomischen DNA methyliert vorläge und weniger bevorzugt an die Sequenz, welche aus der chemischen Behandlung der genomischen DNA hervorgeht, wenn das besagte bestimmte Cytosin in der genomischen DNA unmethyliert vorläge und wobei die Oligomere der zweiten Klasse an das zu untersuchende Amplifikat im wesentlichen unabhängig von dem Methylierungsgrad besagten bestimmten Cytosins in der genomischen DNA hybridisieren.
4. Verfahren nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, dass in Schritt c) eine Hybridisierung der Amplifikate an zwei Klassen von Oligomeren (Oligonukleotiden und/oder PNA-Oligomeren) mit jeweils mindestens einem Mitglied erfolgt, wobei die Oligomere der ersten Klasse bevorzugt an die Sequenz hybridisieren, welche aus der chemischen Behandlung der genomischen DNA hervorgeht, wenn das besagte bestimmte Cytosin in der genomischen DNA unmethyliert vorläge und weniger bevorzugt an die Sequenz, welche

aus der chemischen Behandlung der genomischen DNA hervorgeht, wenn das besagte bestimmte Cytosin in der genomischen DNA methyliert vorläge und wobei die Oligomere der zweiten Klasse an das zu untersuchende Amplifikat im wesentlichen unabhängig von dem Methylierungsgrad besagten bestimmten Cytosins in der genomischen DNA hybridisieren.

5. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, dass man das Verfahren nicht nur mit der genomischen DNA-Probe durchführt, sondern sinngemäß auch mit bekanntermaßen an der Position des besagten bestimmten Cytosins methyliert oder aber unmethyliert vorliegender Standard-DNA, wobei die jeweils mit der unmethylierten Standard DNA gemäss Anspruch 1 gemessenen Verhältnisse der an den beiden Klassen von Oligonukleotiden detektierten Markierungen als Eichwert für einen Methylierungsgrad von 0 und entsprechend die jeweils mit der methylierten Standard DNA gemäss Anspruch 1 gemessenen Verhältnisse der an den beiden Klassen von Oligonukleotiden detektierten Markierungen als Eichwert für einen Methylierungsgrad von 1 dienen und man diese Eichwerte für die Bestimmung des Methylierungsgrades der genomischen Proben-DNA einsetzt.
6. Verfahren nach Anspruch 5, dadurch gekennzeichnet, dass man weitere bekannte Standard DNA-Proben zur Eichung verwendet, die jeweils einen beliebigen bekannten Methylierungsgrad des besagten bestimmten Cytosins aufweisen.
7. Verfahren nach einem der Ansprüche 5 oder 6, dadurch gekennzeichnet, dass die als Standard verwendeten DNAs jeweils unterschiedlich markiert sind und die

Probe (das aus einer genomischen DNA entsprechend Anspruch 1 hergestellte Amplifikat) wiederum mit einer davon verschiedenen Markierung versehen ist.

- 5 8. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, dass Amplifikate, hervorgegangen aus verschiedenen genomischen DNA-Proben, mit unterschiedlichen Markierungen versehen sind.
- 10 9. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 8, dadurch gekennzeichnet, dass Amplifikate, hervorgegangen aus derselben genomischen DNA-Proben, mit unterschiedlichen Markierungen versehen sind, um über eine Mittelung der aus verschiedenen 15 Detektionsverfahren erhaltenen Werte eine Erhöhung der Messgenauigkeit zu erreichen.
10. Verfahren nach einem der voranstehenden Ansprüche, dadurch gekennzeichnet, dass besagte Markierungen 20 Fluoreszenzmarkierungen sind.
11. Verfahren nach einem der voranstehenden Ansprüche, dadurch gekennzeichnet, dass man die chemische Behandlung mit einer Lösung eines Bisulfits 25 (=Hydrogensulfit, Disulfit) durchführt.
12. Verfahren nach einem der voranstehenden Ansprüche, dadurch gekennzeichnet, dass für die Amplifikation Oligonukleotide verwendet werden, die einen 30 mindestens 18 Basen langen Sequenzabschnitt einer chemisch vorbehandelten DNA gemäß einer der Seq. ID 1 bis Seq. ID 40712 umfassen.
13. Verfahren nach einem der voranstehenden Ansprüche, 35 dadurch gekennzeichnet, dass in einem

Hybridisierungsschritt Oligonukleotide und /oder Peptide Nucleic Acid (PNA) Oligomere verwendet werden, die an einen mindestens 9 Basen langen Sequenzabschnitt einer chemisch vorbehandelten DNA 5 gemäß einer der Seq. ID 1 bis Seq. ID 40712 hybridisieren oder diesem entsprechen, wobei die Basensequenz mindestens ein CpG Dinukleotid umfaßt und sich das CpG Dinukleotid in etwa im mittleren Drittel des Oligomers befindet.

10

14. Verfahren nach einem der voranstehenden Ansprüche, dadurch gekennzeichnet, dass man besagte Markierung durch ihre Chemilumineszenz, ihre UV-Absorption oder Fluoreszenzpolarisation nachweist.

15

15. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 13, dadurch gekennzeichnet, dass die Markierungen Radionuklide sind.

20

16. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 13, dadurch gekennzeichnet, dass die Markierungen ablösbare Massenmarkierungen sind, die in einem Massenspektrometer nachgewiesen werden.

25

17. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 13, dadurch gekennzeichnet, dass man die PCR-Produkte insgesamt oder deren charakteristische Fragmente im Massenspektrometer nachweist und somit durch ihre Masse eindeutig charakterisiert sind.

30

18. Verfahren nach einem der voranstehenden Ansprüche, dadurch gekennzeichnet, dass die Oligomere (Oligonukleotide und/oder PNA-Oligomere) einer Klasse die Sequenz 5'-CG-3' umfassen.

35

19. Verfahren nach einem der voranstehenden Ansprüche, dadurch gekennzeichnet, dass die Oligomere (Oligonukleotide und/oder PNA-Oligomere) einer Klasse die Sequenz 5'-TG-3' und/oder die Sequenz 5'-CA-3' umfassen.  
5
20. Verfahren nach den Ansprüchen 18 und 19, dadurch gekennzeichnet, dass die Oligomere (Oligonukleotide und/oder PNA-Oligomere) der ersten Klasse die Sequenz 5'-CG-3' umfassen und die Oligomere der zweiten Klasse die Sequenz 5'-TG-3' und/oder die Sequenz 5'-CA-3' umfassen.  
10
21. Verfahren nach einem der voranstehenden Ansprüche, dadurch gekennzeichnet, dass die Oligomere der ersten und der zweiten Klasse auf einer gemeinsamen Festphase immobilisiert sind.  
15
22. Verfahren nach Anspruch 11, dadurch gekennzeichnet, dass die Oligonukleotide auf einer ebenen Festphase in einem rechtwinkligen oder hexagonalen Raster angeordnet sind und der Ort bestimmter Oligonukleotide auf der Festphase mit deren jeweiliger Sequenz korreliert ist.  
20
23. Verfahren nach einem der Ansprüche 1-20, dadurch gekennzeichnet, dass die Oligomere der ersten und zweiten Klasse auf Beads immobilisiert sind, welche mit einem Satz getrennt nachweisbarer Markierungen codiert sind.  
25
24. Verfahren nach einem der voranstehenden Ansprüche dadurch gekennzeichnet, dass man den Schritt b) des Anspruchs 1 in zwei Teilschritten wie folgt durchführt:  
30
- 35

5 a) eine PCR Präamplifikation mit mindestens einem Primerpaar unterschiedlicher Sequenz, die an eine nach Anspruch 1 vorbehandelte DNA-Probe unspezifisch hybridisieren und daher im PCR Schritt mehr als ein Amplifikat ergeben;

10 b) eine PCR Amplifikation des in der Präamplifikation gebildeten Produkts mit Primern unterschiedlicher Sequenz, die jeweils zu einem Abschnitt der nach Anspruch 1 vorbehandelten DNA-Probe [(+)-Strang oder (-)-Strang] identisch oder revers komplementär sind und an die zu amplifizierende DNA spezifisch hybridisieren.

15 25. Verfahren nach einem der vorangehenden Ansprüche, dadurch gekennzeichnet, dass die Amplifikation von mehreren DNA-Abschnitten in einem Reaktionsgefäß durchgeführt wird.

20 26. Verfahren nach einem der voranstehenden Ansprüche, dadurch gekennzeichnet, dass für die Amplifikation eine hitzebeständige DNA-Polymerase verwendet wird.

25 27. Verfahren nach einem der voranstehenden Ansprüche, dadurch gekennzeichnet, dass die für die Amplifikation verwendeten Primeroligonukleotide der entweder nur die Basen T, A und C oder aber die Basen T, A und G enthalten.

30 28. Verfahren nach einem der voranstehenden Ansprüche, dadurch gekennzeichnet, dass mindestens 10 CpG Positionen in unterschiedlichem Sequenzkontext gleichzeitig analysiert werden.

35 29. Verfahren nach einem der voranstehenden Ansprüche, dadurch gekennzeichnet, dass mindestens 50 CpG

Positionen in unterschiedlichem Sequenzkontext gleichzeitig analysiert werden.

30. Verfahren nach einem der voranstehenden Ansprüche, 5 dadurch gekennzeichnet, dass mindestens 100 CpG Positionen in unterschiedlichem Sequenzkontext gleichzeitig analysiert werden.
31. Verfahren nach einem der voranstehenden Ansprüche, 10 dadurch gekennzeichnet, dass mindestens 500 CpG Positionen in unterschiedlichem Sequenzkontext gleichzeitig analysiert werden.
32. Verfahren nach einem der voranstehenden Ansprüche, 15 dadurch gekennzeichnet, dass mindestens 1000 CpG Positionen in unterschiedlichem Sequenzkontext gleichzeitig analysiert werden.
33. Verfahren nach einem der voranstehenden Ansprüche, 20 wobei die genomische DNA-Probe aus Zelllinien, Blut, Sputum, Stuhl, Urin, Gehirn-Rückenmarks-Flüssigkeit, in Paraffin einbettetem Gewebe, beispielsweise Gewebe von Augen, Darm, Niere, Hirn, Herz, Prostata, Lunge, Brust oder Leber, histologischen Objektträgern oder 25 allen möglichen Kombinationen hiervon erhalten wurde.
34. Verwendung eines Verfahrens nach einem der voranstehenden Ansprüche zur Diagnose und/oder Prognose nachteiliger Ereignisse für Patienten oder 30 Individuen, wobei diese nachteiligen Ereignisse mindestens einer der folgenden Kategorien angehören: unerwünschte Arzneimittelwirkungen; Krebserkrankungen; CNS-Fehlfunktionen, Schäden oder Krankheit; Aggressionssymptome oder 35 Verhaltensstörungen; klinische, psychologische und soziale Konsequenzen von Gehirnschädigungen;

psychotische Störungen und Persönlichkeitsstörungen; Demenz und/oder assoziierte Syndrome; kardiovaskuläre Krankheit, Fehlfunktion und Schädigung; Fehlfunktion, Schädigung oder Krankheit des gastrointestinalen Traktes; Fehlfunktion, Schädigung oder Krankheit des Atmungssystems; Verletzung, Entzündung, Infektion, Immunität und/oder Rekonvaleszenz; Fehlfunktion, Schädigung oder Krankheit des Körpers als Abweichung im Entwicklungsprozess; Fehlfunktion, Schädigung oder Krankheit der Haut, der Muskeln, des Bindegewebes oder der Knochen; endokrine und metabolische Fehlfunktion, Schädigung oder Krankheit; Kopfschmerzen oder sexuelle Fehlfunktion.

15 35. Verwendung eines Verfahrens nach einem der voranstehenden Ansprüche zur Unterscheidung von Zelltypen oder Geweben oder zur Untersuchung der Zelldifferenzierung.

20 36. Kit, umfassend ein Bisulfit enthaltendes Reagenz, Primeroligonukleotiden zur Herstellung der Amplifikate und/oder vorzugsweise an einer Festphase immobilisierte Oligonukleotiden gemäß Anspruch 10 sowie eine Anleitung zur Durchführung eines Verfahrens nach einem der voranstehenden Ansprüche.

25 37. Nukleinsäure, umfassend einen mindestens 18 Basen langen Sequenzabschnitt einer chemisch vorbehandelten DNA gemäß einer der Seq. ID 1 bis Seq. ID 40712.

30 38. Oligomer (Oligonukleotid oder Peptide Nucleic Acid (PNA)-Oligomer) zur Detektion des Cytosin-Methylierungszustandes in chemisch vorbehandelter DNA, umfassend jeweils mindestens eine Basensequenz mit einer Länge von mindestens 9 Nukleotiden, die an

35

eine chemisch vorbehandelte DNA (Seq. ID 1 bis Seq. ID 40712) hybridisiert.

39. Oligomer gemäß Anspruch 38, wobei die Basensequenz 5 mindestens ein CpG Dinukleotid umfaßt.

40. Oligomer gemäß Anspruch 39, dadurch gekennzeichnet, dass das Cytosin des CpG Dinukleotids in etwa im mittleren Drittel des Oligomers befindet.

10 41. Satz von Oligomeren gemäß Anspruch 39, umfassend mindestens ein Oligomer für zumindest eines der CpG Dinukleotide einer der Sequenzen der Seq. ID 1 bis Seq. ID 40712.

15 42. Satz von Oligomeren gemäß Anspruch 41, umfassend für jedes der CpG Dinukleotide aus einer der Sequenzen der Seq. ID 1 bis Seq. ID 40712 mindestens ein Oligomer.

20 43. Satz von mindestens zwei Nukleinsäuren, die als Primeroligonukleotide zur Amplifikation gemäß Anspruch 1 mindestens einer der Seq. ID 1 bis Seq. ID 40712 oder Abschnitten davon eingesetzt werden.

25 44. Satz von Oligonukleotiden gemäß Anspruch 43, dadurch gekennzeichnet, dass mindestens ein Oligonukleotid an eine Festphase gebunden ist.

30 45. Satz von Oligomersonden zur Detektion des Cytosin-Methylierungszustandes und/oder von Single Nucleotide Polymorphismen (SNPs) in chemisch vorbehandelter genomicscher DNA gemäß einer der Seq. ID 1 bis Seq. ID 40712, umfassend mindestens zehn der Oligomere gemäß einem der Ansprüche 38 bis 40.

35

46. Verfahren zur Herstellung einer auf einem Trägermaterial fixierten Anordnung von unterschiedlichen Oligomeren (Array) zur Analyse von in Zusammenhang mit dem Methylierungszustand der CpG Dinukleotide einer der Seq. ID 1 bis Seq. ID 40712 stehenden Erkrankungen, bei dem mindestens ein Oligomer gemäß einem der Ansprüche 2 bis 4 an eine feste Phase gekoppelt wird.

10 47. An eine Festphase gebundene Anordnung von unterschiedlichen Oligomeren (Array) nach einem der Ansprüche 38 bis 40.

15 48. Array von unterschiedlichen Oligonukleotid- und/oder PNA-Oligomersequenzen gemäß Anspruch 47, dadurch gekennzeichnet, dass diese auf einer ebenen Festphase in Form eines rechtwinkligen oder hexagonalen Gitters angeordnet sind.

20 49. Array gemäß einem der Ansprüche 47 oder 48, dadurch gekennzeichnet, dass die Festphasenoberfläche aus Silizium, Glas, Polystyrol, Aluminium, Stahl, Eisen, Kupfer, Nickel, Silber oder Gold besteht.

25 50. DNA- und/oder PNA-Array zur Analyse von in Zusammenhang mit dem Methylierungszustand von Genen stehenden Erkrankungen, der mindestens eine Nukleinsäure gemäß einem der Ansprüche 38 bis 40 beinhaltet.

30

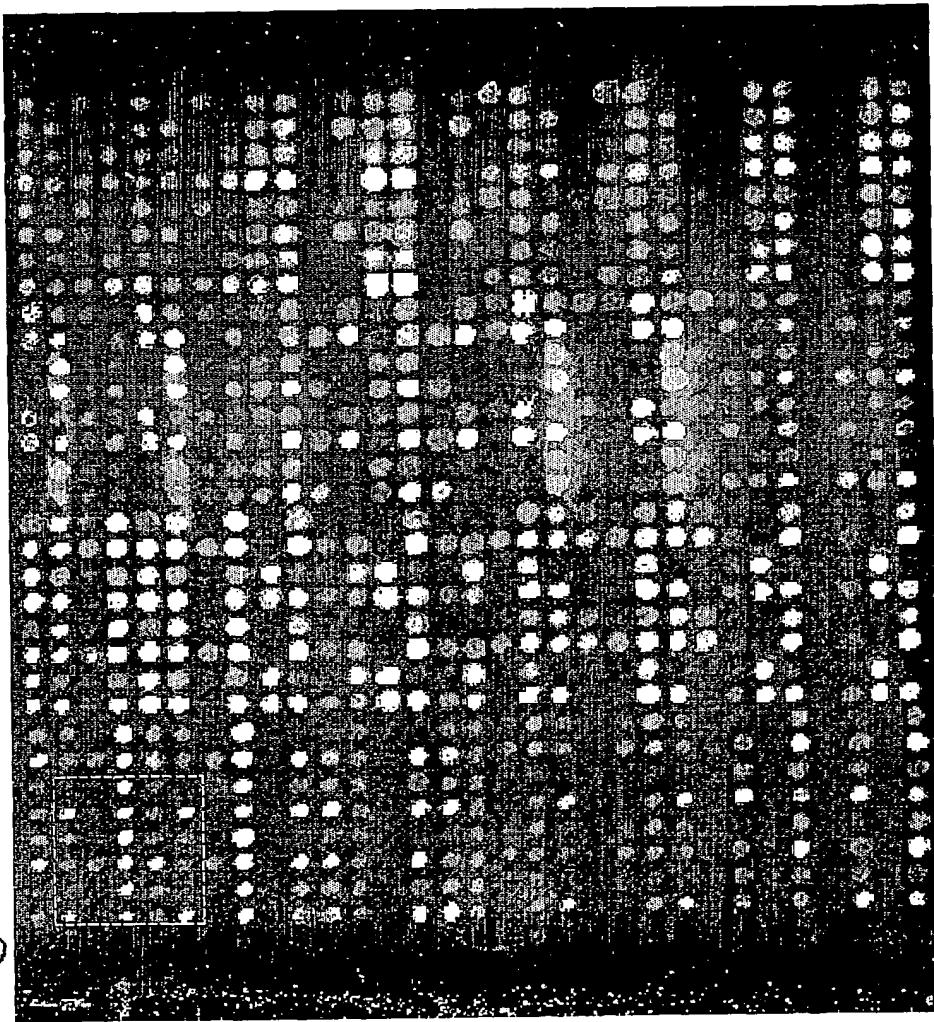


Fig. 1

